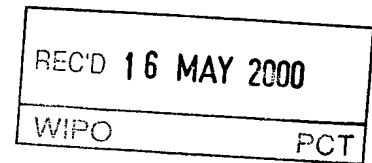


**BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND**DE 00/583  
4**Bescheinigung**

09/914549

Die Anmelderin Deutsches Krebsforschungszentrum Stiftung des öffentlichen Rechts in Heidelberg, Neckar/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"An der Entwicklung des ZNS beteiligtes Protein (TP)"

am 26. Februar 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig das Symbol C 12 N 15/12 der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 27. April 2000

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag

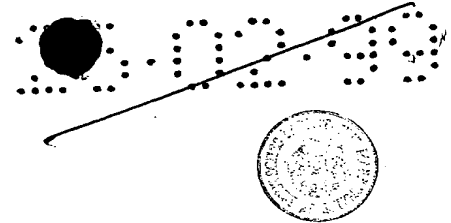
aktenzeichen: 199 08 423.8

Dzierzon

**PRIORITY  
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

Anmelder: Deutsches Krebsforschungszentrum  
Unser Zeichen: K 2528 - sch / msl



### **An der Entwicklung des ZNS beteiligtes Protein (TP)**

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Protein (TP) und dazu verwandte Proteine, die an der Entwicklung des Zentralnervensystems (ZNS) beteiligt sind und gewebe- und entwicklungsspezifisch exprimiert werden, die nachstehend beschriebenen Varianten dieser Proteine sowie diese Proteine codierende DNA-Sequenzen. Die vorliegende Erfindung betrifft ferner gegen diese Proteine gerichtete Antikörper oder Fragmente davon, sowie gegen die Expression dieser Proteine gerichtete Antisense-RNAs bzw. Ribozyme. Schließlich betrifft die vorliegende Erfindung Arzneimittel und Diagnoseverfahren, bei denen die vorstehenden Verbindungen zur Anwendung kommen.

Mutationen in Genen, die eine Rolle bei der Bildung und Aufrechterhaltung des Zentralen Nervensystems spielen, sind von größter wissen- und wirtschaftlicher Bedeutung, da Erkrankungen am ZNS sehr häufig vorkommen, oft durch einen schweren, zum Teil tödlichen Krankheitsverlauf gekennzeichnet sind und bisher nur sehr begrenzt therapierbar sind. Mit dem Anstieg der Lebenserwartung ist eine drastische Zunahme von neurologischen und psychischen Erkrankungen verbunden. Diese verursachen eine starke Einschränkung der Lebensqualität der betroffenen Personen sowie erhebliche Kosten sowohl für den Betroffenen als auch für die Gesellschaft.

Die Isolierung und Analyse ZNS-spezifischer Gene bietet eine gute Möglichkeit, Erkrankungen, wie z.B. Schizophrenie, Autismus, manische Depression und mentale Retardierungen untersuchen und schließlich auch behandeln zu können.

Somit liegt der vorliegenden Erfindung das technische Problem zugrunde, Mittel bereitzustellen, mit denen Störungen bei der Entwicklung des ZNS, insbesondere solche, die mit einer Tumorentwicklung in Zusammenhang stehen, diagnostiziert

und gegebenenfalls therapiert werden können.

Die Lösung dieses technischen Problems wird durch die Bereitstellung der in den Patentansprüchen gekennzeichneten Ausführungsformen erzielt.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit eine DNA-Sequenz, die ein Protein codiert, das an der Entwicklung des ZNS beteiligt ist und gewebe- und entwicklungsspezifisch exprimiert wird, wobei die DNA-Sequenz folgende DNA-Sequenzen umfaßt:

- (a) die DNA-Sequenz von Fig. 1, Fig. 2, Fig. 3, Fig. 4, Fig. 5, Fig. 6, Fig. 7 oder Fig. 8;
- (b) die DNA-Sequenz von Fig. 9 oder Fig. 10;
- (c) die DNA-Sequenz von Fig. 11 oder Fig. 12;
- (d) die DNA-Sequenz von Fig. 13;
- (e) die DNA-Sequenz von Fig. 14 oder Fig. 15
- (f) eine mit (a), (b), (c), (d) oder (e) hybridisierende DNA-Sequenz;
- (g) Varianten oder Fragmente der DNA-Sequenz von (a), (b), (c), (d), (e) oder (f); oder
- (h) eine DNA-Sequenz, die sich von der DNA-Sequenz von (a), (b), (c), (d), (e), (f) oder (g) aufgrund der Degeneration des genetischen Codes unterscheidet.

Die vorliegende Erfindung beruht auf der Isolierung einer humanen DNA-Sequenz (Gen "T" oder T-Gen genannt; siehe die Figuren 1-8, das das Protein TP codiert), wobei sich herausstellte, daß das von dieser DNA-Sequenz codierte Protein vor allem im sich entwickelnden Zentralnervensystem (ZNS) benötigt wird. Dabei ist die Expression des dieses Protein codierenden Gens zeitlich im wesentlichen auf die Embryonalentwicklung und räumlich im wesentlichen auf Gewebe des ZNS beschränkt. Die Sequenzanalyse ergab, daß es sich hierbei um ein neues Gen handelt. Darüber hinaus konnten weitere Gene isoliert werden, die Homologien zu diesem Gen aufweisen (murines Gen "T", Figuren 9 und 10; Gen "T2", Figuren 11 und 12; Gen "T3", Figur 13). Somit kann davon ausgegangen



werden, daß diese Gene Mitglieder einer neuen, bisher unbekannten Genfamilie sind. Defekte in diesen Genen führen zu Einschränkungen der Funktionen des ZNS. Desweiteren üben diese Gene eine wichtige Funktion bei der Kontrolle des Zellwachstums aus und Veränderungen in diesen Genen bzw. deren Expression führen zu Fehlern in der Kontrolle des Zellwachstums, beispielsweise auch zur Tumorbildung, insbesondere des Neuroblastoms. Von diesen Krebserkrankungen sind fast ausschließlich kleinere Kinder bis ca. 8 Jahre betroffen. In 25 bis 30 Prozent der Fälle treten die ersten Anzeichen bereits innerhalb der ersten 12 Lebensmonate auf. Beim Neuroblastom entarten sehr junge Zellen des autonomen Nervensystems. Da diese Nerven an der Rückseite des Bauchraums und des Brustkorbes entlanglaufen, treten die meisten Neuroblastome im Bauch-, Becken-, Brust- oder Halsbereich auf. Mehr als die Hälfte der Erkrankungen gehen vom Nebennierenmark aus, welches auch von Nervenzellen gebildet wird. Zeichen, die beim Kleinkind auf ein Neuroblastom hinweisen können, sind Knoten, Schwellungen, Knochenschmerzen, Hinken, Müdigkeit, Fieber, Blässe, Schwitzen, hartnäckiger Husten, Blutergüsse ums Auge. Vom Arzt diagnostiziert werden kann ein Neuroblastom durch Blut-, Urin- und Ultraschalluntersuchungen sowie durch Entnahme von Biopsien aus dem Tumor und eine Knochenmarksuntersuchung. Ist der genaue Sitz der Geschwulst diagnostiziert, wird sie operativ entfernt. Problematisch ist die frühe Bildung von Metastasen. Durch die Isolation und Analyse des T-Gens ist es nun möglich, neuartige Diagnose- und Therapiemaßnahmen für das Neuroblastom zu entwickeln. Hierdurch wird es dann möglich, eine frühzeitige Diagnose der Krebserkrankung durchzuführen und Therapieformen zu etablieren, die verbesserte Heilungschancen verheißen.

Desweiteren führen Mutationen in T-Gen zu Entwicklungs- und Differenzierungsstörungen des ZNS, insbesondere des Gehirns. Dies führt in vielen Fällen zu geistigen Erkrankungen, z.B. mentalen Retardierungen. Das T-Gen übt auch eine wichtige Rolle bei der Verschaltung einzelner Gehirnareale, z.B. Vorder- und Mittelhirn, aus. Mutationen in diesem Gen führen in einigen Fällen zu schizophrenen Erkrankungen oder Autismussyndromen. Mit Hilfe des humanen und murinen T-Gens können wichtige, prinzipielle Rückschlüsse auf die Entstehung des ZNS

und insbesondere des Gehirns gezogen werden. Hierbei bieten sich gute Ansatzpunkte für die Erforschung krankhafter Veränderungen des ZNS und insbesondere des Gehirns.

Mit Hilfe der genomischen Sequenzen können Patienten auf mögliche Mutationen hin einfacher untersucht werden. Die genomischen Sequenzen des T-Gens sind besonders dann von Vorteil, wenn wenig (Tumor)material für die Analyse zur Verfügung steht. Hierdurch ist es beispielsweise möglich, schon kleinste Tumoren auf Mutationen in diesem Gen zu untersuchen. Weiterhin eröffnet es die Möglichkeit, eine Therapie (insbesondere Bestrahlungs- und/oder Chemotherapie) auf ihren Erfolg hin zu überprüfen, da im Blut zirkulierende Tumorzellen mit genomischen Primern, die spezifisch für die genomische DNA sind, durch eine PCR-Reaktion detektiert werden können.

Der in der vorliegenden Erfindung verwendete Begriff "hybridisieren" bezieht sich auf konventionelle Hybridisierungsbedingungen, vorzugsweise auf Hybridisierungsbedingungen, bei denen als Lösung 5xSSPE, 1% SDS, 1xDenhardts-Lösung verwendet wird und die Hybridisierungstemperaturen zwischen 35°C und 70°C, vorzugsweise bei 65°C liegen. Nach der Hybridisierung wird vorzugsweise zuerst mit 2xSSC, 1% SDS und danach mit 0,2xSSC bei Temperaturen zwischen 35°C und 70°C, vorzugsweise bei 65°C gewaschen (zur Definition von SSPE, SSC und Denhardts-Lösung siehe Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Ausgabe, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor NY (1989)). Besonders bevorzugt sind stringente Hybridisierungsbedingungen, wie sie beispielsweise in Sambrook et al., supra, beschrieben sind.

Die in der vorliegenden Erfindung verwendeten Begriffe "Varianten" oder "Fragment" umfassen DNA-Sequenzen, die sich gegenüber den in den Figuren angegebenen Sequenzen durch Deletion(en), Insertion(en), Austausch(e) und/oder andere im Stand der Technik bekannte Modifikationen unterscheiden bzw. ein Fragment des ursprünglichen Nucleinsäuremoleküls umfassen, wobei das durch

diese DNA-Sequenzen codierte Protein noch die vorstehend erwähnten Eigenschaften aufweist. Dazu zählen auch Allelvarianten und Spleißvarianten. Zwei ausgesuchte Beispiele von solchen Spleißvarianten sind in den Fig. 14 und 15 gezeigt. Verfahren zur Erzeugung der vorstehenden Änderungen in der Nucleinsäuresequenz sind dem Fachmann bekannt und in Standardwerken der Molekularbiologie beschrieben, beispielsweise in Sambrook et al., supra. Der Fachmann ist auch in der Lage, zu bestimmen, ob ein von einer so veränderten Nucleinsäuresequenz codiertes Protein noch über die vorstehend erwähnten Eigenschaften verfügt.

In einer bevorzugten Ausführungsform betrifft die vorliegende Erfindung eine DNA-Sequenz, die ein Protein codiert, das die Aminosäuresequenz von Fig. 1, Fig. 9, Fig. 11, Fig. 12, Fig. 13, Fig. 14 oder Fig. 15 umfaßt, wobei das Protein die vorstehend definierte biologische Aktivität hat.

Durch die Erniedrigung oder Hemmung der Expression der vorstehend beschriebenen DNA-Sequenzen, kann die Synthese der von diesen codierten Proteine, beispielsweise des Proteins TP verringert oder eliminiert werden, was beispielsweise bei bestimmten Krankheitszuständen wünschenswert ist. Daher betrifft eine weitere bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung Antisense-RNA, die dadurch gekennzeichnet ist, daß sie zu den vorstehenden DNA-Sequenzen komplementär ist und die Synthese des von diesen DNA-Sequenzen codierten Proteins verringern oder hemmen kann und ein Ribozym, das dadurch gekennzeichnet, daß es zu einem Teil der vorstehenden DNA-Sequenzen und an die von diesen DNA-Sequenzen transkribierte RNA spezifisch binden und diese spalten kann, wodurch die Synthese des von diesen DNA-Sequenzen codierten Proteins verringert oder gehemmt wird. Vorzugsweise sind diese Antisense-RNAs und Ribozyme zu einer codierenden Region der mRNA komplementär. Der Fachmann ist in der Lage, ausgehend von den offenbarten DNA-Sequenzen, geeignete Antisense-RNAs herzustellen und anzuwenden. Geeignete Vorgehensweisen sind beispielsweise in EB-B1 O 223 399 oder EP-A1 O 458 beschrieben. Ribozyme sind RNA-Enzyme und bestehen aus einem einzelnen RNA-Strang.

Diese können andere RNAs intermolekular spalten, beispielsweise die von den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen transkribierten mRNAs. Diese Ribozyme müssen prinzipiell über zwei Domänen verfügen, (1) eine katalytische Domäne und, (2) eine Domäne, die zu der Ziel-RNA komplementär ist und an diese binden kann, was die Voraussetzung für eine Spaltung der Ziel-RNA ist. Ausgehend von in der Literatur beschriebenen Vorgehensweisen ist es inzwischen möglich, spezifische Ribozyme zu konstruieren, die eine gewünschte RNA an einer bestimmten, vorgewählten Stelle schneiden (siehe beispielsweise Tanner et al., in: Antisense Research and Applications, CRC Press, Inc. (1993), 415-426).

Die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen bzw. die die vorstehend beschriebenen Antisense-RNAs oder Ribozyme codierenden DNAs können auch in einen Vektor bzw. Expressionsvektor inseriert werden. Somit umfaßt die vorliegende Erfindung auch diese DNA-Sequenzen enthaltende Vektoren bzw. Expressionsvektoren. Die Bezeichnung "Vektor" bezieht sich auf ein Plasmid (z.B. pUC18, pBR322, pBlueScript), auf ein Virus oder ein anderes geeignetes Vehikel. In einer bevorzugten Ausführungsform ist das erfindungsgemäße DNA-Molekül im Vektor mit regulatorischen Elementen funktionell verknüpft, die dessen Expression in prokaryontischen oder eukaryontischen Wirtszellen erlauben. Solche Vektoren enthalten neben den regulatorischen Elementen, beispielsweise einem Promotor, typischerweise einen Replikationsursprung und spezifische Gene, die die phänotypische Selektion einer transformierten Wirtszelle erlauben. Zu den regulatorischen Elementen für die Expression in Prokaryonten, beispielsweise E.coli, zählen der lac-, trp-Promotor oder T7-Promotor, und für die Expression in Eukaryonten der AOX1- oder GAL1-Promotor in Hefe, und der CMV-, SV40-, RVS-40-Promotor, CMV- oder SV40-Enhancer für die Expression in tierischen Zellen. Weitere Beispiele für geeignete Promotoren sind der Metallothionein I- und der Polyhedrin-Promotor. Zu geeigneten Expressionsvektoren für E.coli zählen beispielsweise pGEMEX, pUC-Derivate, pGEX-2T, pET3b und pQE-8, wobei letzterer bevorzugt ist. Zu den für die Expression in Hefe geeigneten Vektoren zählen pY100 und Ycpad1, für die Expression in Säugerzellen pMSXND, pKCR, pEFBOS, cDM8 und pCEV4. Zu den erfindungsgemäßen Expressionsvektoren

zählen auch von Baculovirus abgeleitete Vektoren für die Expression in Insektenzellen, beispielsweise pAcSGHisNT-A.

Allgemeine, auf dem Fachgebiet bekannte Verfahren können zur Konstruktion von Expressionsvektoren, die die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen und geeignete Kontrollsequenzen enthalten, verwendet werden. Zu diesen Verfahren zählen beispielsweise in vitro-Rekombinationstechniken, synthetische Verfahren, sowie in vivo-Rekombinationsverfahren, wie sie beispielsweise in Sambrook et al., supra, beschrieben sind. Die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen können auch in Verbindung mit einer für ein anderes Protein bzw. Peptid codierenden DNA inseriert werden, sodaß die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen beispielsweise in Form eines Fusionsproteins exprimiert werden können.

Die vorliegende Erfindung betrifft auch die vorstehend beschriebenen Vektoren enthaltende Wirtszellen. Zu diesen Wirtszellen zählen Bakterien (beispielsweise die E.coli-Stämme HB101, DH1, x1776, JM101, JM109, BL21 und SG13009), Hefe, vorzugsweise *S. cerevisiae*, Insektenzellen, vorzugsweise sf9-Zellen, und Tierzellen, vorzugsweise Säugerzellen. Bevorzugte Säugerzellen sind CHO-, VERO-, BHK-, HeLa-, COS-, MDCK, 293- und WI38-Zellen. Verfahren zur Transformation dieser Wirtszellen, zur phänotypischen Selektion von Transformanten und zur Expression der erfindungsgemäßen DNA-Moleküle unter Verwendung der vorstehend beschriebenen Vektoren sind auf dem Fachgebiet bekannt.

Die vorliegende Erfindung betrifft ferner von den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen codierte Proteine sowie Verfahren zur Herstellung der von den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen codierten Proteine. Dem Fachmann sind Bedingungen bekannt, transformierte bzw. transfizierte Wirtszellen zu kultivieren. Das erfindungsgemäße Verfahren umfaßt die Kultivierung der vorstehend beschriebenen Wirtszellen unter Bedingungen, die die Expression des Proteins (bzw. Fusionsproteins) erlauben (vorzugsweise stabile Expression), und die Gewinnung des Proteins aus der Kultur oder aus den Wirtszellen. Geeignete Reinigungsverfahren (beispielsweise präparative Chromatographie, Affinität-

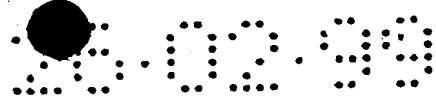


schromatographie, beispielsweise Immunoaffinitätschromatographie, HPLC etc.) sind allgemein bekannt.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung betrifft Antikörper gegen die vorstehend beschriebenen erfindungsgemäßen Proteine oder ein Fragment davon. Diese Antikörper können monoclonale, polyclonale oder synthetische Antikörper sein oder Fragmente davon. In diesem Zusammenhang bedeutet der Begriff "Fragment" alle Teile des monoclonalen Antikörpers (z.B. Fab-, Fv- oder "single chain Fv"-Fragmente), welche die gleiche Epitopspezifität wie der vollständige Antikörper aufweisen. Die Herstellung solcher Fragmente ist dem Fachmann bekannt.

Vorzugsweise handelt es sich bei den erfindungsgemäßen Antikörpern um monoclonale Antikörper. Die erfindungsgemäßen Antikörper können gemäß Standardverfahren hergestellt werden, wobei das von den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen codierte Protein oder ein synthetisches Fragment davon als Immunogen dienen. Verfahren zur Gewinnung monoclonaler Antikörper sind dem Fachmann bekannt und umfassen beispielsweise als ersten Schritt die Herstellung von polyclonalen Antikörpern unter Verwendung der erfindungsgemäßen Proteine oder Fragmente davon (beispielsweise synthetische Peptide) als Immunogen zur Immunisierung geeigneter Tiere, beispielsweise Kaninchen oder Hühner, und die Gewinnung der polyclonalen Antikörper aus dem Serum bzw. Eigelb.

Dann werden beispielsweise Zell-Hybride aus Antikörper produzierenden Zellen und Knochenmark-Tumorzellen hergestellt und cloniert. Anschließend wird ein Clon selektioniert, der einen Antikörper produziert, der für das verwendete Antigen spezifisch ist. Dieser Antikörper wird dann hergestellt. Beispiele von Zellen, die Antikörper produzieren, sind Milzzellen, Lymphknotenzellen, B-Lymphozyten etc.. Beispiele von Tieren, die zu diesem Zweck immunisiert werden können, sind Mäuse, Ratten, Pferde, Ziegen und Kaninchen. Die Myelomzellen lassen sich aus Mäusen, Ratten, Menschen oder anderen Quellen erhalten. Die



Zellfusion kann man beispielsweise durch das allgemein bekannte Verfahren von Köhler und Milstein durchführen. Die durch Zellfusion erhaltenen Hybridome werden mittels dem Antigen nach dem Enzym-Antikörper-Verfahren oder nach einem ähnlichen Verfahren abgesucht. Clone werden beispielsweise mit dem Grenz-Verdünnungsverfahren erhalten. Die erhaltenen Clone werden beispielsweise BALB/c-Mäusen intraperitoneal implantiert, nach 10 bis 14 Tagen wird der Ascites der Maus entnommen, und der monoclonale Antikörper durch bekannte Verfahren (beispielsweise Ammoniumsulfatfraktionierung, PEG-Fraktionierung, Ionenaustauschchromatographie, Gelchromatographie oder Affinitätschromatographie) gereinigt.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform ist der genannte monoclonale Antikörper ein aus einem Tier (z.B. Maus) stammender Antikörper, ein humanisierter Antikörper oder ein chimärer Antikörper oder ein Fragment davon. Chimäre, menschlichen Antikörper ähnelnde oder humanisierte Antikörper besitzen eine herabgesetzte potentielle Antigenität, jedoch ist ihre Affinität gegenüber dem Ziel nicht herabgesetzt. Die Herstellung von chimären und humanisierten Antikörpern bzw. von den menschlichen Antikörpern ähnelnden Antikörpern wurde ausführlich beschrieben (siehe beispielsweise Queen et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86 (1989), 10029, und Verhoeyan et al., Science 239 (1988), 1534). Humanisierte Immunglobuline weisen variable Grundgerüstbereiche auf, die im wesentlichen von einem humanen Immunglobulin stammen (mit der Bezeichnung Akzeptor-Immunglobulin) und die Komplementarität der determinierenden Bereiche, die im wesentlichen von einem nicht-menschlichen Immunglobulin (z.B. von der Maus) stammen (mit der Bezeichnung Donor-Immunglobulin). Die (der) konstante(n) Bereich(e) stammt/stammen, falls vorhanden, auch im wesentlichen von einem menschlichen Immunglobulin. Bei der Verabreichung an menschliche Patienten bieten humanisierte (sowie die menschlichen) Antikörper eine Reihe von Vorteilen gegenüber Antikörpern von Mäusen oder anderen Spezies: (a) das menschliche Immunsystem sollte das Grundgerüst oder den konstanten Bereich des humanisierten Antikörpers nicht als fremd erkennen und daher sollte die Antikörper-Antwort gegen einen solchen injizierten Antikörper geringer ausfallen

als gegen einen vollständig fremden Maus-Antikörper oder einen partiell fremden chimären Antikörper; (b) da der Effektorbereich des humanisierten Antikörpers menschlich ist, dürfte er mit anderen Teilen des menschlichen Immunsystems besser interagieren, und (c) injizierte humanisierte Antikörper weisen eine Halbwertszeit auf, die im wesentlichen zu der von natürlich vorkommenden menschlichen Antikörpern äquivalent ist, was es erlaubt, kleinere und weniger häufige Dosen im Vergleich zu Antikörpern anderer Spezies zu verabreichen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können beispielsweise zur Immunpräzipitation der vorstehend diskutierten Proteine, zur Isolierung verwandter Proteine aus cDNA-Expressionsbanken oder zu den nachstehend offenbarten Zwecken (Diagnose/Therapie) verwendet werden.

Die vorliegende Erfindung betrifft auch ein Hybridom, das den vorstehend beschriebenen monoclonalen Antikörper erzeugt.

Die vorliegende Erfindung ermöglicht es, Störungen der Entwicklung des ZNS auf genetischer Ebene zu untersuchen, beispielsweise Tumorerkrankungen. Diese Diagnose kann nicht nur postnatal sondern bereits pränatal erfolgen. Mit einer erfindungsgemäßen DNA-Sequenz bzw. davon abgeleiteten Sonden oder Primern kann in Säugern, insbesondere dem Menschen, festgestellt werden, ob sie ein Gen enthalten, das das erfindungsgemäße Protein codiert und/oder exprimiert bzw. ob dieses Gen zu einer mutierten Form des Proteins führt, die nicht länger biologisch aktiv ist. Dazu kann der Fachmann übliche Verfahren, wie Reverse Transkription, PCR, LCR, Hybridisierung und Sequenzierung durchführen. Auch die erfindungsgemäßen Antikörper eignen sich für die Diagnostik, d.h. beispielsweise zum Nachweis des Vorhandensein und/oder der Konzentration des erfindungsgemäßen Proteins, einer verkürzten oder verlängerten Form des Proteins etc., in einer Probe. Die Antikörper können beispielsweise in Immunoassays in Flüssigphase oder an einen festen Träger gebunden werden. Dabei können die Antikörper auf verschiedene Art und Weise markiert sein. Geeignete Marker und Markierungsverfahren sind auf dem Fachgebiet bekannt. Beispiele für Immunas-

says sind ELISA und RIA.

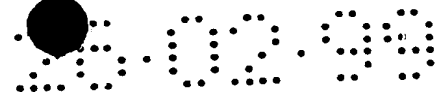
Somit betrifft die vorliegende Erfindung auch ein Diagnoseverfahren zum Nachweis einer gestörten Expression des erfindungsgemäßen Proteins oder zum Nachweis einer veränderten Form dieses Proteins, bei dem man eine Probe mit den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen oder dem erfindungsgemäßen Antikörper oder Fragment davon in Berührung bringt und sodann beispielsweise direkt oder indirekt bestimmt, ob sich die Konzentration des Proteins und/oder seine Aminosäuresequenz im Vergleich zu einer aus einem gesunden Patienten gewonnenen Protein unterscheiden.

Die vorliegende Erfindung erlaubt auch die Durchführung therapeutischer Maßnahmen bei den vorstehend diskutierten Störungen des ZNS, d.h. die vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, Antisense-RNAs, Ribozyme und Antikörper können auch zur Herstellung eines Arzneimittels, beispielsweise zur Kontrolle der Expression des erfindungsgemäßen Proteins oder zum Austausch einer mutierten Form des Gens gegen eine funktionelle Form verwendet werden und somit auch zur Herstellung eines Arzneimittels zur Prävention oder der Behandlung von Erkrankungen des ZNS, insbesondere Tumorerkrankungen. Beispielsweise kann das erfindungsgemäße Protein in Säugern, insbesondere den Menschen, durch übliche Maßnahmen eingebracht werden. Hierzu kann es günstig sein, das Protein an ein vom jeweiligen Körper nicht als fremd angesehenes Protein, z.B. Transferrin oder Rinderserumalbumin (BSA) zu koppeln. Auch kann eine erfindungsgemäße DNA-Sequenz, Antisense-RNA oder Ribozym in Säuger, insbesondere den Menschen, eingebracht und exprimiert werden. Mit einem erfindungsgemäßen Antikörper kann die Expression des erfindungsgemäßen Proteins (TP) bzw. der verwandten Proteine kontrolliert und reguliert werden.

Somit betrifft die vorliegende Erfindung auch ein Arzneimittel, das die vorstehend beschriebenen DNA-Sequenzen, Antisense-RNA, das Ribozym, den Expressionsvektor, das erfindungsgemäße Protein oder den Antikörper bzw. das Fragment davon enthält. Dieses Arzneimittel enthält gegebenenfalls zusätzlich einen pharmazeutisch verträglichen Träger. Geeignete Träger und die Formulierung derartiger Arzneimittel sind dem Fachmann bekannt. Zu geeigneten Trägern zählen beispielsweise Phosphat-gepufferte Kochsalzlösungen, Wasser, Emulsionen, beispielsweise Öl/Wasser-Emulsionen, Netzmittel, sterile Lösungen etc. Die Verabreichung der Arzneimittel kann oral oder parenteral erfolgen. Zu den Verfahren für die parenterale Verabreichung gehören die topische, intra-arterielle, intramuskuläre, subkutane, intramedulläre, intrathekale, intraventrikuläre, intravenöse, intraperitoneale oder intranasale Verabreichung. Die geeignete Dosierung wird von dem behandelnden Arzt bestimmt und hängt von verschiedenen Faktoren ab, beispielsweise von dem Alter, dem Geschlecht, dem Gewicht des Patienten, dem Stadium der Erkrankung, der Art der Verabreichung etc..

Vorzugsweise werden die vorstehend beschriebenen Nucleinsäuren in einen für die Gentherapie geeigneten Vektor inseriert und, beispielsweise unter Kontrolle eines gewebespezifischen Vektors in die Zellen eingeschleust. In einer bevorzugten Ausführungsform ist der die vorstehend beschriebenen Nucleinsäuren enthaltende Vektor ein Virus, beispielsweise ein Adenovirus, Vaccinia-Virus oder Adenovirus. Besonders bevorzugt sind Retroviren. Beispiele für geeignete Retroviren sind MoMuLV, HaMuSV, MuMTV, RSV oder GaLV. Für Zwecke der Gentherapie können die erfindungsgemäßen Nucleinsäuren auch in Form von kolloidalen Dispersionen zu den Zielzellen transportiert werden. Dazu zählen beispielsweise Liposomen oder Lipoplexe (Mannino et al., Biotechniques 6 (1988), 682).

Schließlich betrifft die vorliegende Erfindung einen diagnostischen Kit zur Durchführung des vorstehend beschriebenen Diagnoseverfahrens, der eine erfindungsgemäße DNA-Sequenz oder den vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen Antikörper oder das Fragment davon enthält. Je nach Ausgestaltung des diagno-



stischen Kits können die DNA-Sequenz bzw. der Antikörper oder das Fragment davon immobilisiert sein.

Die Isolierung und Charakterisierung des menschlichen erfindungsgemäßen Gens und insbesondere der Maushomologe davon erlauben darüberhinaus die Etablierung eines Tiermodells, was für das weitere Studium von Erkrankungen des ZNS auf molekularer Ebene sehr wertvoll ist. Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit ferner ein nicht-menschliches Säugetier, dessen T-Gen verändert ist, z.B. durch Insertion einer heterologen Sequenz, insbesondere einer Selektionsmarkersequenz.

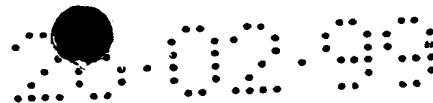
Der Ausdruck "nicht-menschliches Säugetier" umfaßt jegliches Säugetier, dessen T-Gen verändert sein kann. Beispiele solcher Säugetiere sind Maus, Ratte, Kaninchen, Pferd, Rind, Schaf, Ziege, Affe, Schwein, Hund und Katze, wobei Maus bevorzugt ist.

Der Ausdruck "T-Gen, das verändert ist" bedeutet, daß in dem im nicht-menschlichen Säugetier natürlich vorkommenden entsprechenden Gen durch Standardmethoden eine Veränderung der Genstruktur oder der Gensequenz durchgeführt wird. Dies kann unter anderem durch die Einführung einer Deletion von ca. 1-2 kb, an dessen Stelle eine heterologe Sequenz, z.B. ein Konstrukt zur Vermittlung von Antibiotika-Resistenz (z.B. eine "neo-Kassette"), eingeführt wird, erreicht werden. Desweiteren können heterologe Sequenzen in das T-Gen eingeführt werden, die es erlauben, in vivo zeit- und gewebespezifische Deletionen durchzuführen. Weiterhin können heterologe Sequenzen in das T-Gen eingeführt werden, die es erlauben, die Expression des T-Gens in vivo zu verfolgen. Dies kann unter anderem durch die Insertion einer für das GFP (green fluorescent protein)-Protein codierenden Sequenz innerhalb eines Exons oder als eigenständiges Exon durchgeführt werden. Diese Methoden sind allgemein in Schwartzberg et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Vol. 87, S. 3210-3214, 1990 beschrieben, worauf hier Bezug genommen wird.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind Zellen, die aus dem vorstehenden nicht-menschlichen Säugetier erhalten werden. Diese Zellen können in jeglicher Form vorliegen, z.B. in einer Primär- oder Langzeit-Kultur.

Ein erfindungsgemäßes nicht-menschliches Säugetier kann durch übliche Verfahren bereitgestellt werden. Günstig ist ein Verfahren, das folgende Schritte umfaßt:

- (a) Herstellung eines DNA-Fragments, insbesondere eines Vektors, enthaltend ein verändertes T-Gen, wobei das T-Gen durch Insertion einer heterologen Sequenz, insbesondere eines selektierbaren Markers, verändert worden ist;
- (b) Präparation embryonaler Stammzellen aus einem nicht-menschlichen Säuger (bevorzugt Maus);
- (c) Transformation der embryonalen Stammzellen von Schritt (b) mit dem DNA-Fragment von Schritt (a), wobei das T-Gen in den embryonalen Stammzellen durch homologe Rekombination mit dem DNA-Fragment von (a) verändert wird,
- (d) Kultivieren der Zellen von Schritt (c),
- (e) Selektion der kultivierten Zellen von Schritt (d) auf das Vorhandensein der heterologen Sequenz, insbesondere des selektierbaren Markers,
- (f) Erzeugen chimärer nicht-menschlicher Säuger aus den Zellen von Schritt (e) durch Injektion dieser Zellen in Säuger-Blastocysten (bevorzugt Maus-Blastozyten), Übertragen der Blastozysten in pseudo-schwangere weibliche Säuger (bevorzugt Maus) und Analyse der erhaltenen Nachkommen auf eine Veränderung des T-Gens.



In Schritt (c) wird der Mechanismus der homologen Rekombination (vgl. R.M. Torres, R. Kühn, Laboratory Protocols for Conditional Gene Targeting, Oxford University Press, 1997) ausgenutzt, um embryonale Stammzellen zu transfizieren. Die homologe Rekombination zwischen den in einem Chromosom vorhandenen DNA-Sequenzen und neuen, hinzugefügten clonierten DNA-Sequenzen ermöglicht das Einfügen eines klonierten Gens in das Genom einer lebenden Zelle anstelle des ursprünglichen Gens. Mit dieser Methode können bei Verwendung embryonaler Keimzellen via Chimären Tiere erhalten werden, die für das gewünschte Gen oder den gewünschten Genteil oder die gewünschte Mutation homozygot sind.

Der Ausdruck "embryonale Stammzellen" betrifft jegliche embryonalen Stammzellen eines nicht-menschlichen Säugetiers, die sich zur Mutierung des T-Gens eignen. Vorzugsweise sind die embryonalen Stammzellen von der Maus, insbesondere die Zellen E14/1 oder 129/SV.

Der Ausdruck "Vektor" umfaßt jeglichen Vektor, der durch Rekombination mit der DNA von embryonalen Stammzellen eine Veränderung des T-Gens ermöglicht. Vorzugsweise weist der Vektor einen Marker auf, mit dem auf vorhandene Stammzellen selektioniert werden kann, in denen die gewünschte Rekombination erfolgt ist. Ein solcher Marker ist z.B. die loxP/tkneo-Cassette, die mit Hilfe des Cre/loxP-Systems wieder aus dem Genom entfernt werden kann.

Desweiteren kennt der Fachmann Bedingungen und Materialien, um die Schritte (a)-(f) durchzuführen.

Mit der vorliegenden Erfindung wird ein nicht-menschliches Säugetier bereitgestellt, dessen T-Gen verändert ist. Diese Veränderung kann ein Ausschalten der Genexpression-regulierenden Funktion sein. Mit einem solchen Säugetier bzw. Zellen daraus kann selektiv die Genexpression-kontrollierende Funktion des TP-Proteins untersucht werden. Ferner ist es hiermit möglich, Substanzen, Arzneimittel und Therapieansätze zu finden, mit denen selektiv auf die kontrollierte



Funktion eingewirkt werden kann. Daher liefert die vorliegende Erfindung eine Basis, um auf die verschiedensten Erkrankungen einzuwirken. Solche Erkrankungen sind z.B. Einschränkungen der ZNS-Funktionen, die bis zu mentalen Retardierungen reichen oder die Induktion von Krebs durch Fehler bei der Kontrolle der Zellproliferation.

Die Erfindung wird weiter anhand der Figuren beschrieben, welche zeigen:

- Figur 1: humane cDNA-Sequenz (Gen T) und abgeleitete Aminosäuresequenz
- Figur 2: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 3: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 4: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 5: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 6: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 7: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 8: humane genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 9: partielle murine cDNA-Sequenz (Gen T) und abgeleitete Aminosäuresequenz
- Figur 10: partielle murine genomische DNA-Sequenz (Gen T)
- Figur 11: partielle humane cDNA-Sequenz (Gen T2) und abgeleitete Aminosäuresequenz

Figur 12: partielle murine cDNA-Sequenz (Gen T2) und abgeleitete Aminosäuresequenz

Figur 13: partielle murine cDNA-Sequenz (Gen T3) und abgeleitete Aminosäuresequenz

Figur 14: Spleißvariante des humanen T-Gens mit abgeleiteter Aminosäuresequenz

Figur 15: Spleißvariante des humanen T-Gens mit abgeleiteter Aminosäuresequenz

Folgende Clone wurden gemäß Budapester Vertrag bei der DSMZ (Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH), Mascheroder Weg 1b, Braunschweig, am 18. August 1998 hinterlegt:

- Clon JFC277 (DSM12371); humane cDNA; repräsentiert die humane cDNA-Sequenz von Bp 1218-3690
- Clon JFC405 (DSM12372); humane cDNA; repräsentiert die humane cDNA-Sequenz von Bp 1-1891
- Clon JFC601 (DSM12373); murine cDNA; repräsentiert die murine cDNA-Sequenz von Bp 225-3026
- Clon JFC950 (DSM12374); humaner genomischer Clon; repräsentiert humane genomische Sequenz
- Clon JFC955 (DSM12375); humaner genomischer Clon; repräsentiert humane genomische Sequenz; beinhaltet Start der cDNA-Sequenz
- Clon JFC N2112 (DSM12376); humaner genomischer Clon; wurde vollständig sequenziert. Die Sequenz ist in Fig. 2 gezeigt und enthält die Sequenz von Bp 1756-4228 der humanen cDNA-Sequenz.

Am 2. Februar 1999 wurde folgender Clon gemäß Budapester Vertrag bei der DSMZ hinterlegt:

- Clon JFC-BN27 (DSM 12659); enthält die Sequenz von Bp 4370-8690 der humanen cDNA-Sequenz

Am 19. Februar 1999 wurde folgender Clon gemäß Budapester Vertrag bei der DSMZ hinterlegt:

- Clon JFC-BN20 (DSM 12698); enthält die Sequenz von Bp 2025-6280 der humanen cDNA-Sequenz

Die in den Fig. 2-8 gezeigten Sequenzen entstammen den Klonen JFC955 (DSM 12375) und JFC950 (DSM 12374). Die in Fig. 1 gezeigte Sequenz stammt aus den Clonen JFC277 (DSM 12371), JFC405 (DSM 12372) und JFC-BN27 (DSM 12659) und JFC-BN20 (DSM 12698). Die in Fig. 9 gezeigte Sequenz stammt aus dem Clon JFC610 (DSM 12373).

Die Erfindung wird weiter anhand des nachfolgenden Ausführungsbeispiels beschrieben.

#### BEISPIEL

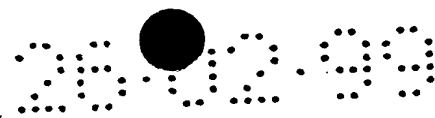
Hinsichtlich der verwendeten Methoden wird auch auf Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T. (Molecular cloning; a laboratory manual; second edition; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) und Current Protocols in Molecular Biology (John Wiley and Sons, 1994-1998) hingewiesen, wobei die nachfolgend erwähnten Techniken, insbesondere Präparation von DNA bzw. RNA oder Northern-Blot dem Fachmann hinreichend bekannt sind und beherrscht werden.

Bevor die Durchführung der Experimente im einzelnen beschrieben wird, soll im nächsten Abschnitt erst einmal die Arbeitsstrategie erläutert werden.

Auf der Suche nach Genen, die im mutierten Zustand Erkrankungen des ZNS (z.B. neurodegenerative Erkrankungen, mentale Retardierungen, Tumorerkrankungen des ZNS) auslösen, wurden aus einer humanen fötalen Gehirn-cDNA-Bibliothek (Fa. Stratagene, Heidelberg) 23 cDNA-Klone isoliert. Eine humane fötale Gehirn-cDNA-Bibliothek wurde als Ausgangsmaterial verwendet, da davon ausgegangen wurde, daß in einer fötalen Gehirn-cDNA-Bibliothek Gene, die in der Entwicklung des ZNS und insbesondere des Gehirns eine Rolle spielen, vorhanden sind. Da aber auch sogenannte Haushaltsgene (Gene, die in den meisten Geweben exprimiert werden) im ZNS exprimiert werden, wurde nun getestet, ob die ausgewählten cDNA-Klone von Genen stammen, die eine ZNS-spezifische Expression aufweisen. Hierzu wurden die in den einzelnen cDNA-Klonen enthaltenen cDNA-Stücke ('Inserts') isoliert und für die Hybridisierung mit Northernblots verwendet. Die verwendeten Northernblots beinhalteten polyA-RNA aus verschiedenen menschlichen Geweben (z.B. Gehirn, Skelettmuskel, Leber und Niere) und verschiedenen Entwicklungsstadien (fötale und adulte Gewebe). Da, wie oben erwähnt, im fötalen Gehirn nicht nur gehirnspezifische Gene exprimiert werden, wurde die Hybridisierung mit den Northernblots dazu verwendet, cDNA-Klone zu identifizieren, die vor allem im Gehirn exprimiert werden und weniger in anderen Geweben. Durch diese differentielle Analyse konnte ein cDNA-Klon identifiziert werden, der ein gehirnspezifisches Expressionsmuster aufweist. Unter Verwendung dieses cDNA-Klons konnte durch wiederholtes Hybridisieren der fötalen cDNA-Bibliothek die gesamte mRNA-Sequenz für das darin codierte neue Protein isoliert und entschlüsselt werden (Gen T mit darin codiertem Protein TP).

### 1. Titration der cDNA-Bibliotheken

Um eine effektive Infektion zu gewährleisten, war es zunächst notwendig, in einer Übernachtskultur phagenkompetente Bakterien herzustellen. Die in dem Medium enthaltenen Magnesium-Ionen induzieren den Maltose-Rezeptor der Bakterien, an dem der Phage bindet, um das Bakterium zu infizieren.

**Durchführung:**

50  $\mu$ l E. coli XL1-Blue in 50 ml LB-Medium ansetzen, wobei dem Medium  $\text{MgSO}_4$  in einer Konzentration von 10 mM zugesetzt wird. Bei 30°C und 220 rpm über Nacht inkubieren. Abzentrifugieren der Bakterien bei 4°C und 1000 xg für 10 min. In 25 ml 10 mM  $\text{MgSO}_4$  resuspendieren. Die so erzeugten phagenkompetenten Bakterien waren bei 4°C bis zu einer Woche lagerfähig.

**2. Ausplattieren der cDNA-Bibliotheken**

Zum Ausplattieren der Bibliothek mußten Baltimore Biological Lab. (BBL)-Agarplatten, und BBL-Top-Agarose vorbereitet werden. Die Phagen (humane bzw. murine cDNA-Bibliothek, Fa. Stratagene) wurden, um nach dem Ausplattieren Einzelplaques zu erhalten, mit SM-Medium 1:10<sup>3</sup> und 1:10<sup>4</sup> verdünnt.

**Durchführung:**

Für den BBL-Agar (pH 7,2) werden 10 g BBL-Trypticase, 5 g NaCl, und 10 g Select Agar eingewogen und auf 1 l mit H<sub>2</sub>O aufgefüllt. Der Agar wird durch Autoklavieren gelöst. Nach Abkühlen auf ca. 60°C die Platten gießen. Die Platten werden vor Gebrauch auf 37°C vorgewärmt, um ein vorzeitiges Erstarren der Top-Agarose zu vermeiden. Die BBL-Top-Agarose (pH 7,2) wurde mit 10 g BBL-Trypticase, 5 g NaCl, 6,5 g Agarose und 10 ml 1M  $\text{MgSO}_4$ -Lösung auf 1 l H<sub>2</sub>O angesetzt. Durch Autoklavieren lösen und im Wasserbad auf 41°C bereitstellen. 15  $\mu$ l wie vorstehend angeben verdünnte Phagenlösung und 250  $\mu$ l der kompetenten XL-1 Bakterien in ein 15 ml Falcontube geben. 20 min. bei Raumtemperatur inkubieren. 10 ml BBL-Top Agarose zugeben, schwenken und auf die angewärmte Agarplatte geben. Nach ca. 20 min ist die Top-Agarose-Schicht fest, und die Platten können mit der Agarseite nach oben gestapelt werden. Die Inkubation erfolgt über Nacht bei 37°C. Die Platten sind nach abgelaufener Inkubationszeit bei 4°C lagerbar oder können direkt zum Transfer der Phagenplaques verwendet werden. Zur Lagerung die Platten diese zusammen mit einem chloroformgetränkten Tuch in Plastiksäcken gut verschließen. Das Chloroform verhindert das Wachstum von kälteliebenden Bakterien und Pilzen.



### 3. In vivo Excision

Die verwendeten cDNA-Banken (humane und murine fötale Gehirn-cDNA-Bibliothek; Fa. Stratagene, Heidelberg) waren in dem Vektor  $\lambda$ -ZAPII kloniert. Hierdurch bestand die Möglichkeit, die Subklonierung des Phageninserts in einen Plasmid-Vektor zu umgehen. Dieses Protokoll erlaubt es auf einfache Weise, cDNA, die sich als Insert im  $\lambda$ -ZAPII-Vektor befindet, durch einen in vivo Ansatz in ein Insert zu überführen, das sich nun im Plasmid Blueskript SK(-) befindet. Das Prinzip dieses Ansatzes liegt darin, daß durch einen Helferphagen Informationen für Proteine eingebracht werden, die eine DNA-Amplifikation nur in dem Bereich des Phagen-genoms erlauben, die die genetische Information für das Plasmid mit cDNA-Insert besitzen. Es wurde weitgehend nach dem Protokoll des Herstellers (Stratagene) verfahren.

Insbesondere wurde so ausplattiert, daß Einzel-Phagenplaques auf der Platte waren. Mit diesen Einzelplaques wurde dann das in-vivo Excisionsprotokoll durchgeführt. Aus den Bakterienklonen wurde die Plasmid-DNA und deren Plasmid-Inserts isoliert und anschließend mit Northern Blots hybridisiert. Die Auswahl der weiter zu untersuchenden Klone beruhte auf dem Expressionsmuster bei den Northern Blots.

#### Durchführung:

100  $\mu$ l eines Einzel-Phagen  $\lambda$ -ZAPII-Klones mit 200  $\mu$ l XL1-Bakterien und 2  $\mu$ l Helferphagen (im Stratagene-Kit enthalten) versetzen. 15 min. bei 37°C und 80 rpm schütteln, wobei die spezifische Anlagerung beider Phagentypen an das Wirtsbakterium stattfindet. 3 ml LB-Medium zugeben. 2 h bei 37°C und 200 rpm inkubieren. Während dieser Zeit findet die DNA-Replikation des im  $\lambda$ -ZAPII-Vektors enthaltenen Plasmides, dessen Zirkularisierung, sowie die Verpackung in Hüllproteine und Ausschleusung aus dem Bakterium statt. Auf 70°C für 20 min. erhitzen. Im Anschluß 15 min. bei 4000g zentrifugieren. Dies tötet die noch verbliebenen Bakterien ab und trennt deren Bruchstücke von den in der Phagenhülle vorhandenen Plasmiden ab, die sich im Überstand befinden. 1  $\mu$ l davon zu 200  $\mu$ l SOLR-Wirtszellen geben, 15 min. bei 37°C inkubieren. 100  $\mu$ l auf LB/-

Amp-Platten ausplattieren. Über Nacht bei 37°C lagern. Die nun gewachsenen Bakterienklone enthalten das Plasmid mit dem entsprechenden cDNA-Insert. Es wurde jeweils eine Mini-Prep-DNA-Präparation durchgeführt.

#### 4. "random primed" DNA-Markierung

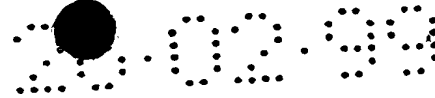
Die radioaktive Markierung der doppelsträngigen Insert-DNA des cDNA-Klons wurde für die weitere Isolation von überlappenden cDNA-Klonen wie folgt durchgeführt.

##### Durchführung:

Für einen typischen Markierungsansatz 100 ng DNA in einem Volumen von 12 µl H<sub>2</sub>O lösen. 10 minütiges Erhitzen auf 95°C bewirkt die Denaturierung der DNA in Einzelstränge. Ansatz auf Eis lagern, um eine Reassoziations der beiden komplementären DNA-Stränge zu verhindern. Den Reaktionsansatz durch 4 µl OLB (Oligo-labelling-buffer, 1 µl Klenow (1U) sowie 2,5 µl α-<sup>32</sup>P-dCTP und 2,5 µl α-<sup>32</sup>P-dATP komplettieren. Über Nacht bei Raumtemperatur inkubieren. Während dieser Zeit findet die Bildung des Komplementärstranges, ausgehend von den an einen Einzelstrang angelagerten Hexanucleotiden, durch das Klenow-Fragment der E. coli DNA-Polymerase I statt. Die radioaktive Markierung der DNA erfolgt durch den Einbau des α-<sup>32</sup>P-dCTP und des α-<sup>32</sup>P-dATP.

#### 5. Abtrennen von nicht-eingebauten radioaktiven Nucleotiden

Die Abtrennung der nichteingebauten Nucleotide erfolgte mit Hilfe einer selbst gefertigten Sephadex G-50 Säule. Das Auftrennungsprinzip der Säule beruht auf der Ausschlußchromatographie. Die kleineren nichteingebauten Nucleotide passen in kleine Poren des Säulenmaterials, während die DNA von diesen ausgeschlossen bleibt. Das Volumen, in dem sich die Nucleotide bewegen können ist daher größer als das Volumen, das der DNA zur Verfügung steht. Trägt man nun ein Gemisch aus DNA und Nucleotiden auf die Säule, so läuft die DNA schneller als die Nucleotide durch die Säule. Dies erlaubt die Abtrennung der nichteingebauten Nucleotide.

**Durchführung:**

Eine Pasteurpipette wurde mit einem kleinen Glaskügelchen verschlossen. Auffüllen der Pasteurpipette mit in Wasser gelöstem Sephadex G-50 ("Fine") bis sich das Füllmaterial 5 cm unter der Oberkante der Pasteurpipette befindet. 2x Spülen der Säule mit TE. Auftragen des obigen radioaktiven Markierungsansatzes. Zugabe von 320  $\mu$ l TE. Die Lösung, die durch die Säule gelaufen ist, verwerfen. Eppendorf-Tube unter die Säule stellen. Zugabe von 350  $\mu$ l TE. Auffangen der durch die Säule gelaufenen radioaktiven Lösung.

**6. Plaque-"blot"**

Der Plaque-"Blot" wurde für die Analyse der cDNA-Bibliothek vorgenommen, um die in Phagenklonen befindliche cDNA der Hybridisierung zugänglich zu machen.

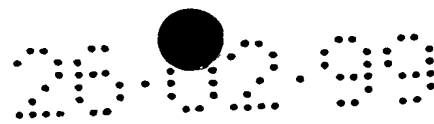
**Durchführung:**

Eine beschriftete, markierte Hybond-N-Membran luftblasenfrei für 1 min auf die Platte mit den Phagenplaques legen. Das Markierungsmuster wurde übertragen. 10 min auf mit Denaturierungslösung (0,5 M NaOH; 1,5 M NaCl) getränktes Whatmanpapier legen, die Plaque-Seite nach oben. 10 min. in 50 mM Phosphatpuffer neutralisieren. Mit einem Phosphatpuffer-getränkten Kleenex-Tuch werden die verbleibenden Reste des Bakterienrasens mit leichtem Druck abgewischt. Die Filter werden bei Raumtemperatur zum Trocknen ausgelegt. Anschließend wurden die Filter 1 h bei 90°C gebacken.

**7. Hybridisierung**

Die Hybridisierung beruht auf der Bindung komplementärer, einzelsträngiger Nucleinsäuren. Dazu wurde die zu untersuchende DNA auf einer Membran immobilisiert und mit einer radioaktiv markierten Sonde hybridisiert. Die komplementäre Bindung bleibt auch nach dem Abwaschen der unspezifisch adhärenen Sonden erhalten und kann autoradiographisch sichtbar gemacht werden. Bei der Hybridisierung wurden einzelsträngige Moleküle unter Salz- und Temperaturbedingungen inkubiert, die die Bildung von basengepaarten doppelsträngen begünstigen. Einen entscheidenden Faktor bei der Assoziations- und der Dissoziationski-





netik stellen die Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Basen-paaren G-C und A-T dar. Die Hybridisierungsreaktion wird durch Veränderungen der Temperatur und der Salz- und Probenkonzentration beeinflusst.

#### Durchführung:

Zunächst die DNA-Filter in Hybridisierungslösung (0,5 M NaPi (pH 7,2); 7% SDS; 0,2% BSA; 0,2% PEG 6000; 0,05% Polyvinylpyrrolidon 360000; 0,05% Ficoll 70000; 0,5% Dextransulfat) mit 0,1 ml/cm<sup>2</sup> bei 65°C prähybridisieren. Dazu die Filter in einer Kunststoffbox in einem Schüttelwasserbad für die Dauer von mindestens 1 h bei 65°C inkubieren. Die Prähybridisierungslösung verwerfen. Die radioaktiv markierte Probe (s. oben 4. und 5.) mit 0,5 ml/cm<sup>2</sup> Hybridisierungslösung (65°C) auf die Filter geben. Die Aktivität der Probe sollte 50 cpm, gemessen im Abstand von 40 cm, nicht unterschreiten. Die Hybridisierung erfolgt über Nacht bei 65°C (humane cDNA-Bibliothek) oder 55°C (Interspezies-hybridisierungen Mensch-Maus und zur Isolation der homologen Gene). Die Filter zweimal 30 min mit etwa 500 ml Waschpuffer im Schüttelbad bei 65°C (55°C) waschen. Daran anschließend wurde eine Autoradiographie durchgeführt.

#### 8. Autoradiographie

Die Filter wurden in Frischhaltefolie verpackt. Die Autoradiographie erfolgte bei -80°C in einer Röntgenkassette, die eine Verstärkerfolie aus Calciumwolframat enthielt. Die Exponierung dauerte je nach Stärke des Signals 30 min bis einige Tage.

Mit Hilfe der oben genannten Techniken konnte die komplette mRNA, die für das Protein des Gens T codiert, isoliert werden. Desweiteren konnte unter der Verwendung von cDNA-Klonen dieses neu isolierten Gens T zwei weitere Gene (T2 und T3) isoliert werden, die mit diesem Gen ausgeprägte Homologien aufweisen. Hierzu wurden wieder die oben erwähnten Techniken verwendet. Zur Isolation der verwandten Gene T2 und T3 wurde die Hybridisierungstemperatur auf 55°C erniedrigt.

**Patentansprüche**

1. DNA-Sequenz, die ein Protein codiert, das an der Entwicklung des ZNS beteiligt ist und gewebe- und entwicklungsspezifisch exprimiert wird, wobei die DNA-Sequenz folgende DNA-Sequenzen umfaßt:
  - (a) die DNA-Sequenz von Fig. 1, Fig. 2, Fig. 3, Fig. 4, Fig. 5, Fig. 6, Fig. 7 oder Fig. 8;
  - (b) die DNA-Sequenz von Fig. 9 oder Fig. 10;
  - (c) die DNA-Sequenz von Fig. 11 oder Fig. 12;
  - (d) die DNA-Sequenz von Fig. 13;
  - (e) die DNA-Sequenz von Fig. 14 oder Fig. 15;
  - (f) eine mit (a), (b), (c), (d) oder (e) hybridisierende DNA-Sequenz;
  - (g) Varianten oder Fragmente der DNA-Sequenz von (a), (b), (c), (d), (e) oder (f); oder
  - (h) eine DNA-Sequenz, die sich von der DNA-Sequenz von (a), (b), (c), (d), (e), (f) oder (g) aufgrund der Degeneration des genetischen Codes unterscheidet.
2. DNA-Sequenz nach Anspruch 1, die ein Protein codiert, das die Aminosäuresequenz von Fig. 1, Fig. 9, Fig. 11, Fig. 12, Fig. 13, Fig. 14 oder Fig. 15 umfaßt, wobei das Protein die in Anspruch 1 definierte biologische Aktivität hat.
3. Antisense-RNA, dadurch gekennzeichnet, daß sie zu der DNA-Sequenz von Anspruch 1 oder 2 komplementär ist und die Synthese des von dieser DNA-Sequenz codierten Proteins verringern oder hemmen kann.
4. Ribozym, dadurch gekennzeichnet, daß es zu der DNA-Sequenz von Anspruch 1 oder 2 komplementär ist und an die von dieser DNA-Sequenz

transkribierte RNA spezifisch binden und diese spalten kann, wodurch die Synthese des von dieser DNA-Sequenz codierten Proteins verringert oder gehemmt wird.

5. Expressionsvektor, die DNA-Sequenz nach Anspruch 1 oder 2 enthaltend oder die Antisense-RNA nach Anspruch 3 oder das Ribozym nach Anspruch 4 codierend.
6. Wirtszelle, die mit dem Expressionsvektor nach Anspruch 5 transformiert ist.
7. Protein, das von der DNA-Sequenz nach Anspruch 1 oder 2 codiert wird und das an der Entwicklung des ZNS beteiligt ist und gewebe- und entwicklungsspezifisch exprimiert wird.
8. Verfahren zur Herstellung des Proteins nach Anspruch 7, das die Züchtung der Wirtszelle nach Anspruch 6 unter geeigneten Bedingungen und die Gewinnung des Proteins aus der Zelle oder dem Zuchtmedium umfaßt.
9. Antikörper, der gegen das Protein nach Anspruch 7 gerichtet ist, oder Fragment davon.
10. Verwendung der DNA-Sequenz nach Anspruch 1 oder 2, der Antisense-RNA nach Anspruch 3, des Ribozyms nach Anspruch 4, des Expressionsvektors nach Anspruch 5, des Proteins nach Anspruch 7 oder des Antikörpers oder des Fragments davon nach Anspruch 9 zur Prävention oder Behandlung von Erkrankungen des ZNS.
11. Verwendung nach Anspruch 10, wobei die Erkrankung des ZNS eine Tumorerkrankung ist.
12. Diagnoseverfahren zum Nachweis einer gestörten Expression des Proteins

nach Anspruch 7 oder zum Nachweis einer veränderten Form dieses Proteins, bei dem man eine Probe mit der DNA-Sequenz nach Anspruch 1 oder 2 oder dem Antikörper oder dem Fragment davon nach Anspruch 9 in Berührung bringt und sodann direkt oder indirekt bestimmt, ob sich die Konzentration des Proteins und/oder seine Aminosäuresequenz im Vergleich zu einer aus einem gesunden Patienten gewonnenen Protein unterscheiden.

13. Diagnostischer Kit zur Durchführung des Verfahrens nach Anspruch 14, der die DNA-Sequenz nach Anspruch 1 oder 2 und/oder den Antikörper oder das Fragment davon nach Anspruch 9 enthält.
14. Nicht-menschliches Säugetier, dessen natürlich vorkommendes T-Gen eine Veränderung der Genstruktur oder der Gensequenz aufweist.
15. Nicht-menschliches Säugetier, wobei die Veränderung der Genstruktur durch die Einführung einer Deletion, an dessen Stelle eine heterologe Sequenz eingeführt wird, erreicht wird.
16. Nicht-menschliches Säugetier nach Anspruch 14 oder 15, wobei die heterologe Sequenz eine Selektionsmarkersequenz ist.
17. Nicht-menschliches Säugetier nach Anspruch 14, 15 oder 16, wobei die Selektionsmarkersequenz Resistenz gegen Neomycin vermittelt.
18. Verfahren zur Herstellung eines nicht-menschlichen Säugetiers nach einem der Ansprüche 14-17 gekennzeichnet durch die folgenden Schritte:
  - (a) Herstellung eines DNA-Fragments, insbesondere eines Vektors, enthaltend ein verändertes T-Gen, wobei das T-Gen durch Insertion einer heterologen Sequenz, insbesondere eines selektierbaren Markers, verändert worden ist;
  - (b) Präparation embryonaler Stammzellen aus einem nicht-mensch-

25.02.99

29

- 28 -

- lichen Säuger (bevorzugt Maus);
- (c) Transformation der embryonalen Stammzellen von Schritt (b) mit dem DNA-Fragment von Schritt (a), wobei das T-Gen in den embryonalen Stammzellen durch homologe Rekombination mit dem DNA-Fragment von (a) verändert wird,
  - (d) Kultivieren der Zellen von Schritt (c),
  - (e) Selektion der kultivierten Zellen von Schritt (d) auf das Vorhandensein der heterologen Sequenz, insbesondere des selektierbaren Markers,
  - (f) Erzeugen chimärer nicht-menschlicher Säuger aus den Zellen von Schritt (e) durch Injektion dieser Zellen in Säuger-Blastocysten (bevorzugt Maus-Blastozyten), Übertragen der Blastozysten in pseudo-schwangere weibliche Säuger (bevorzugt Maus) und Analyse der erhaltenen Nachkommen auf eine Veränderung des T-Gens.



## Zusammenfassung

### An der Entwicklung des ZNS beteiligtes Protein (N21)

5

Beschrieben werden ein Protein (TP) und dazu verwandte Proteine, die an der Entwicklung des ZNS beteiligt sind und gewebe- und entwicklungsspezifisch exprimiert werden, sowie diese Proteine codierende DNA-Sequenzen. Beschrieben werden ferner gegen diese Proteine gerichtete Antikörper oder Fragmente davon, sowie gegen die Expression dieser Proteine gerichtete Antisense-RNA bzw. Ribozyme. Schließlich werden Arzneimittel und Diagnoseverfahren beschrieben, bei denen die vorstehenden Verbindungen zur Anwendung kommen. Außerdem wird ein nicht-menschliches Säugetier beschrieben, dessen für TP codierendes Gen verändert ist.

15

1 C T C T C A G G G G C C C A A A G A G T T T C T T T C T T C T C A G G A G A A A T G T G C C T C G G A T T G G T C C C T T T A G A G A G A T T T T C A A A C T A A A T T  
121 G G C A A A C C T A A G A T T T T C C G C G G C C C G C G C A A A G A C C T C G G C C A G G T T T T A C A G A A A T C T C A T T T T T T A T T A A A T T G A A A A C T G T T A A G A A A G A A A A A G A T A G C A T T G A A G T C A  
241 A A T T C T C G A T A G A T A T T T T T G C T T T T T T A A A C A G A T A T G C T G A T T T T G A A G G T C C T G G A G T A A C T G C A A A C C T T A T T T T T T C C A T T C A A T C A A T G G A T T T T T T A  
361 A T C A T T T C C T T T G A G A T C G A T G A A G T T T C G A A A C G A T G T G T G A T T G G G A A C G T G C G G G C A G T G T G T T C C T A A A A T T G C A T C T T G A T T T T T G C T G C T T T T T T G A A G A G A T T T C A T T T  
481 T T A A G G G C A A G A C C T A A T T G T A T T T G A T T T T A T C T T C A A A T G A A C A G A C A T T G G A A A A T T C A G T G A G T C A C A A G C T A A G C T A A G A T T T T A C A C T G A C T G G G C C A A C A C T A  
M D L S S E M N R H G K N P V S H K L E D Q K K I Y T D W A N H Y  
601 C C T A G C A A A A T C A G G C C A C A A G C G C T G A T C A A G A C T T G C A A C A A G A C A T T G C A G A T T G A G T A C T C C T A A G C A A A A T C A T C C A G A T T A T T T G C A A A T G A A A A A G T T G A A G A T T A C A T G G  
L A K S G H K R L I K D L Q Q D I A D G V L L A E I I Q I I A N E K V E D I N G

Fig. 1

3961

Fig. 1 (Forts.)



5881 CACACCATGAGAGATCTTTCACAAATGTTGGTCTTGCACATATTCACATGAGAGCTCAGACACACTCTGCTCAGGAGAGAGCCCAAGCTCTTACCTTCAGCTTCGACACCAAGATCTCTGGATATGGAAG  
T P W E D P S K W V L D T Y P W S S A T L P Q E S P A L L Q L R P E D V G Y E S

Fig. 1 (Forts.)

8641

Fig. 1 (Forts.)

2002.09.34

5/77

Humane genomische Sequenz

```

1  GATCAGACTT TGAAGAGTGT TTGTACCATG/CTAAAGTTTA CAGAATTTAT
51  TCCTGCTCTT TGAGGGTGCA TTGCAAATCC AGGCTAGAGG GAGAGATACC
101 AGTTAGGAXA GTACAGCAAT ACTCTACTGG GAAATGGTGA GGTGTTTCGT
151 GAAGACAATG GCAACACAGA TGAAGACATG CAGATGGAGG AAATAAAGAT
201 CCAGTTGAGC TTGTTGGCCA GTTGATAGA GGTTGAGGTT ATGCATGATG
251 GAGCAATCTA GGTTTTTGTC TTGGGTAGGT GTTCCATGA TAGTACTCAG
301 AATGAATCAT ATAGTTGTAC AGGTTGAATC CCACCCATGT TTGCACAATA
351 GAGTGACTGT CTAGCTGAAA TCCAGATGAC ACTCTGTATG CTAAGCTATG
401 CTTCATGGAA CTGTATAAAG GCACTTGCTA CATAGGCTAG TGGCAGATCT
451 GGAAGTAACC TATATGGTAT ATAGGAAATG AGGTGGCTTT TGTATAAATC
501 CTACAGATAA ATTTTCATTTT CTGATCCTAT TATTTTGACT CATGTTAGCC
551 CAAGAAGAGT ATTCAGTACT TCATATCCCT GAAGGTAAGA CAGAGTAGTA
601 TTAGATTCAC TATTTGGCAA ATAAAAGGGA TCAAGTCCTA AGATCAAGCT
651 GATGAATCAA CACCTCATAG GATATGTCCC AACCAATTAT ATGGCTTCCC
701 CTATAAATAA AATCTAGTTC TCTTCTCTGG AGAGGAACAG TGAAGAATAT
751 CATAACCTAT GCTACAAACT GCTTGAGTAG GAGCTACTTC TCTCCAAGGC
801 TTTATATCAT TCATTCTGGC AGGCCCTCT GTTTGTTCTC ACCAGCTCCT
851 GGGAAATTTA TTTCTCCTCT AGTGATATAA AAGCTCTCTG TTTGAGATGA
901 AGGGCTGCCC AGTTTATCAG ATCTGTATTA GTCTGTCTC AGGCTGCTAA
951 TAAAGACATA CCTGAGACTG AGTAATTTAT GAAGGAAAGA GGTTTAATTG
1001 ACTCACAGTT CCACATGGCT GGGGAGGCCT CACAATCATG GCGAAAGACT
1051 AATAAGGAGC AAAGTCACAT CTTACATGGC TGCAGACAAG AGAGCATGTG
1101 CAGGGGAACT GCTCTCCATA AAACCATCAG ATCTTGTGAG ACTTGTTCAC
1151 TATTACAAGA ACAACAGACA GGAAACCCG CCCCCTCAAT TCAATTACCT
1201 GCCACTGGGA CCCTCCCACA ACACATGGGG ATTATGAGAG CTACAATTCA
1251 AGATGAGATT TGGGTGGGGA TACCGCCAAA CCATATGAAG TTCTTTCTTT
1301 GTTACTGGGT ACCATATCCA TTCTGTTGAG GTTCTGAGCC TTTCCAGTTA
1351 CTGTAACCTC TCTATCTCCT GTCTGTGCTA AGACTCAGTG ACCTCTCTCT
1401 GCCTTGCTTC TGCTTTGTCC TGACCCCTTC TGTGCATGCA CTCACTCTAG
1451 TTTGCCCACC TGAGGTGAGA GATGGTCCAG ATTAGCAACA ACAATCTGTG
1501 GACTAAAATC CTCTTTAGGG AGGAAGCAAA ATTCAGATGG ATGTTACTTA
1551 ACAAAGCTCA GAAACAGAGA CCAGGGTGTG GGAAGTAAGG TAGTAGCCTG
1601 AGAGCAGCTG GCAGTGTTTT AGACCTGGAG GGAGGTTAGG TCATCAGCAA
1651 TGAGGAGACT GCCTGGAAAA TCCTAGAAAA TTAAGACATC TGGTCAGGCA
1701 AGGTCATATC ACCAGCACAC TTCCCTTTTC AAGTTGAATC CCTTCTCTCT

```

Fig. 2

6/77

1751 GTTAAGAGGA TTCAAGTGTC TTTCTTGCAT TTTGTCTTCT CTTCTATATC  
1801 CATGCTTGCA ATATAAGGAG ACAGCAGTTG GCTGTTTGTG CTAGAAAATA  
1851 TAAATGGCCA TTTTGAAAGC ATGCCAGACA GGATCTGCGG CAAGTTTTCA  
1901 ATGTTACTGC TGCCATCTGT TGTTCTTCAG TGCTGGGATG TGAATCTCTT  
1951 GGCAAACATC TCTCTAATTC TGAACATCTT TTCACCCCCA TCTAGAGATA  
2001 TTCACCTACT GAAGTGCCTT TTTAAAGCAA TGTCCTCAC CAAGGCGATG  
2051 TTGTGAATGT TTTAAAATGG AAGAATCTGG AATGTTTTTA TTATAATACA  
2101 TTTTGTATAT CCCAAAGCAA AAATCAATTT CTTTATGGTT AATACTTTTG  
2151 TAATTTTGTG TTTAATAATA TTTTCCTTTT AAATATAAGA AATATTTTAT  
2201 TGAATTAATA CTTTAATGTA GCTGTTTCAA GTAAGATAAA ACAGAACAGA  
2251 TTACTGTTTT CAACCTTGTT CACAGTTAGC TCTGTAATA AGTTGTTGAG  
2301 CTTTATCTAA GCTTTTTTAT TTTTACATAA CGTTTCCCTT TTCACCTAAC  
2351 CTTGAAATTA TAGTAATTTG GGAACCTCTA TTCCTCTGAA AGAGAAAGCT  
2401 AATGCCAAAG ATATTTCAAG GGAGAAAGAA GGTTTTTTAA AGGAGAGACA  
2451 ATTCAGCTCA GACTTAATAG CTGTGATTGC TATTTATTAA GCAGAACGCC  
2501 TATAACTAAA TTCTCAGATA TCCAAAAAAC AGCCTGTACA TTCTCAAAAG  
2551 TGAAGATTAC ACATTTTCTA AGTTAAGGTA AAAGTTTGT CTCTGTAGCA  
2601 TCTTACTGAT TTCTATCTTC TCATTCTGCC TTAATAATGT CACTAAATAA  
2651 ATGTTTGATG CACTAATACA TGAATAAAC TATTCATGGT AATGATTCTT  
2701 TAGAAACACA GCTAAGTTT GTAATTTTGT TTTTAAAAA TTAAAAATTT  
2751 AAATATAAAA ATGTTTTTAA AAGGCTTGAA TTTCTTGTTA AATGTACACA  
2801 TTTTAAGTTG TAGGCTGTCT TTAAAAATAA TCTCTCCACA CACTGTAGTA  
2851 TTTAAACAT CATGATATTA CTATAAAACA TCAACAAATA GGGCAGTGGA  
2901 AAACATGGTA ATCACTAAAA ATGCTCACAT GTCATATATT AAGACTTGAT  
2951 AAGTAAACCA CAATAATAAA TAGAAAAGAA ATAGTTGTCT AAAAAGGGAT  
3001 TCTCACCTTT CAAACCTTAC CATAAAAATG GAATATAAAA GAAGGAAGAG  
3051 GAGGAGAAAT CAAATTATAT CATAAAATTT TCTGGGCAA AATATTACAG  
3101 AAGAAAATAA GAAAGATTTA TGGAGTTGAC TGAAACATTT TTGAATCCTA  
3151 TACATAAAAA TATCGTTAAT TAAAAGGAAA AACAAAGAAA CAGATTTGGG  
3201 AAATATTTGA AACTGGTTTT TTTTTCAGAT TTAAAAATGT AATACAAATG  
3251 GATTATTTAA ACTCCATTGC AAAAATACAC AAAGGACATT GACAATGTCT  
3301 GGAAATAAAA TTAGCTAAGT AAGTTATAGA AAAACTCAGT CTCACAATTT  
3351 GACAAATGTA ACTGAAACT ATTAATATAA TTAGTAATA TTTTACATG  
3401 TCAAAATTTT TGAATTACTA AAGGAAACCA CAATGCCTGA AAGTATCCAG  
3451 GGTTTTTTTT TTTTTTTATA ATATTGGCAC TGTCATATGG GTGGCAGGAA

Fig. 2 (Forts. 1)

7/77

3501 TTGAAGTGAT GTTGTTTCTT CAGTTATTAA GTTGCATCTG CAGTGTTTCA  
 3551 AATGTCCAAA ACCTGTGAGT CAGTAATTCT CTTTTGTAT ATTTATCCTA  
 3601 ATACAATAAT TCTAAACATA ATCTCAATAT ATATGTACAA AGTTATTTCAC  
 3651 TGCAGTGTTA CTTACAATAG TTAGAAAATT GTAAAATGCT TTATGCATCT  
 3701 TAAAATATAA ATTGTTGAAT ATATAATAGT CCATATGATA TAATTATATC  
 3751 ATTATTATAA ATAATGAATT AGAAAATAAT TTAAGAGCAT TAAAATAATT  
 3801 ATAAGGTAAT ATGAAGTGAA TGAATAATGT ACAGATACTA TAATCAGCAG  
 3851 AGTGTTAACT AGGTAAATTT TTATGTGTGT ATATACTACT TCCTAAAAAT  
 3901 GACTTGACAG AAATCATCAA AATGCTAATG GTGGTTACTT CTGGGTGGGA  
 3951 ATACAGATGA TTTACTTTGT TCCTTTTATG TATTTCTGCA CTGCCCAGTC  
 4001 TTCCACAGTG AGCATATATT GGTTTTTAAA TTTATATAAG ATGGAAAAAG  
 4051 ATACCAAATG GTCTTCAATG AATCCTGGAG TTAACTTTCA TGTGTGTCAT  
 4101 ATGTTATATT CTAAACTTAT CACAAATAGA AGACTTTAAA TCAACTTGTA  
 4151 CCTATTTCAA CTATATAACA GCATCTTTAA AATGAGCATT GAATTAACT  
 4201 ACCAAAACCA ACCATCATGA GGATTATTCA AGTAATGTGT TTAAACAAAA  
 4251 GAATTTGTAA TAAAATTACT TTATCTCCTT TGTGATTTC ACCCCATTAA  
 4301 AAAAAATAGA TGTTTCTACT CTCCTTCAGA TATCATTAAA ACATAAACTT  
 4351 GTGCCTGACT GCATAAATCC CTTTTAACT AATATCACTT ATTACGTTTA  
 4401 ACTAAGTCTA CCTAGGGCTT CTTGTATATA AGAACAAGAG CTTTCCATTT  
 4451 TTTGTTTACC TAGCCCTTTC TGATGCCACG ACAGAATAGC TGTAATCTT  
 4501 CATTATTTAT ATTCTAGAGA AAATAAAAGC AAATAAAAAG GTCAGTGTAT  
 4551 AAAGTTTATT GGTGTTCTC TTTACTCAA ACCCACATGG TATTAATGTT  
 4601 AGTCTCTATG AATATTTTAT GGATAAAATC AGAGCATTAA GTGCATACTA  
 4651 AAAACAATAA GAATGGAAAG ACTTTAACCT TATGTTTATA TGAATTTCTA  
 4701 GGTATCAAG AAGTTTATAG GCTATAGGCT ATAAAGTCTT AGGCTATGAT  
 4751 ATAGTAACCT AATGTAGACT TCCCTTGATA CATGAAATA ATGGTACTAA  
 4801 GTACAAACAG AAGATGAGCT TAAAATTATT CTTTGAGTCC TCTTGATGGA  
 4851 TTTTTTCCCC CACACTTTCC CAAAATTGT TTTATGCCTA TATTGTAGGA  
 4901 GACCATGCAA GAGACCTAGA GTCTCTTTTT CTTTCATCAC TTTCCAATCA  
 4951 ACAGCAAATC CTATCATTTT TACCACAAA TATATCTTGA AACTCCCTTC  
 5001 TTTTGATTTA CTTGTAATC CCCATCAAAA ACTGAAGAGT GTCACAATAC  
 5051 TTCATTAAGT TCCCTACTTG CACTCTACCT TTAATATATT TGTAGCACTA  
 5101 AAATGTTTTT AAAACATATA TCTGCTTATG TCATTTTACT GCTCAATACT  
 5151 ATCTGATTTT CTATTGCACT TCTAAGATAC TCTAATTTCT TAGCACTCTA  
 5201 TATAAAATCC TTAAAGGGCT TCCCTGCTCA CCTTTTCAGA CTCAGAACTA  
 5251 TGTATTTCTT TTTGCCTGCT GTACTTGATC CACTGGATTC TTGATTTTGT

Fig. 2 (Forts. 2)

8/77

5301 T T A C T T C C A G G T T T T T A C A C T T A T T T T T A C A A T A A A T G T G A A A T A C C C T T  
5351 T T T G A C A A T A T C T A C A A A T A T T T C T T A T T T G T C T T T A T T G C T C T T T C C T G  
5401 T A A T G T T T A G T C T T C A T T T T C C T G A T A A T G G C T A T C T A A A G T T A T C T C C T  
5451 C A A A G A A G C A G T T A T T T A T T C A C C C A A A T C T T C T A G T C C T T C T C T G G A G T  
5501 T T T C T T C T C A C T T C A T T C C C T T G G T T T T T G C C A C A A T T G T A A T A A T T T G  
5551 C A A T T T G G A G T G T T A G A A T G A G G G A A T A A T C A C A G G T A A T G A C T A T A G T  
5601 T T G T G A C T A T G T A A G A T T G G A T T C G T T A T T G A T T T A T T C C A C A A C A C T G  
5651 A G G C A C T G C A T T T A G C C A A A T G C C A A T C T T G G C A G T G A G A C T C T G A A A G  
5701 A G A A T C T G C T T C C C C C A C C A T A A A C T A C A A A G T G A A A C A A C T C A G A A T G T  
5751 A C A T A A A T T A C A G A A T G A A A G C A C A C T A G A A G T A A A C A C A G A T G T G G A A G  
5801 A G G T A A A G T G T C C T T G A A A A T C A T G G A A A G A T T C A T A A A G G G A A T G A C A T  
5851 T T C A A C T G G A T T C T A A A C C A G T T A T T C A A G C T C C A C A A G G T T G C A C A G T A  
5901 A A T G A G C A G T G G C A G G A T G A C A T A C C T T A G A A G T A A A A G G A A T C T T T T T  
5951 T A A A C T G C T A T A A A A A T C A T T A C A T A T A C A T T T T G T A G G T C G A G A G T A A G  
6001 G T A T T T A A C A T A A A A T C A T T T T A G T A T A T C A G T G T T A T A T A G A C T T A G G  
6051 T T T T T C T C A T T T A A A A C C T C T T T A A T G A C T T G T G C T T T T C T T C A T G G T A  
6101 A T A A A C A T T T T C C C A G G A A G T G C T G A A T A A A T C T T T C T T G A A T A C G T T  
6151 T T A T T G C T T T C T A T C A A T G A C C C T G A A G T A T A C A G A A T T A C A C T T C A G  
6201 C G G T T G C A A T G C T C A A A C T T G A C A G G T A A T G C A C T G T G T T T G C T G A T A T A  
6251 A G A G G T A T G A T G T A G G G C T A A G T G G T T T T G T G C T C A T T T A G C T T T C A G G A  
6301 G A A A A T A A T T G A C T T A A C A T T T T G A T A C T A A A C C C A A A G C C T A A C A G T T  
6351 A A T T C T T G G T A T T T T A A A T T A T T A T T G C A A A G A T T A T T G T G C C G A A T A A T  
6401 A T G A A A A T A T T T T A T A T A A T A T T T A A A A A G T A T A T C T C T T T C T T G G T A T T  
6451 A T T T A A A T T A C C A T A A A A A T G T G C G A A A A A G T T A T A C T G A A A T G T G A T A G  
6501 G A T C T T T T A A A A G T G G T G C C T T G A T T T T G T T A A G T G T T A C C T A G T T T T C C  
6551 T C T G A A A A C A A G A A A C A T A C C C A G A A G T T T C A C G A A A T G G T C T C A T G A A  
6601 T A T C T A A G G T T A G T C C G T A G T C T A T C T G A G A C A A G G A A A G T C C C T T C C A  
6651 C T A T G A G C C T G T A A A A T C A C A A G C A A G C T A G T A C T T C C T A G A T A C A A T G  
6701 G G A G T A C T G G T A T T G G G T A A A C A C A G C T G T T T C A A A T G G G A G A A A T T G G C  
6751 C A A A A T T A A T G G G T T A C A G G G C A T G C A A T T C C G A A A T C C A T C T G G G C A G T  
6801 C A A A T T G T A A A A C C A A A T G A T X T C T T T T G A C T C C A T G T X T C A C A T C C  
6851 A G G A C A T G C T G A X G C A A G A G A T A G G T T C C C A T A A T C T T T G G C A G C T C T G C  
6901 C C C T G T G G C T T T G C A G G G T A T A T C A C C C C T C C C A G C T G C T T T C A C A G G C T  
6951 G G C A T T G A G T G T C T G T G G C T T T C C C A G G A A C A A G G T G C A A G C T G T T G G T G  
7001 G A T C T A C C A T T C T G G G G T T T G G A G G A T G A T G G C C C T C T T C T C A T A G C T C C

Fig. 2 (Forts. 3)

20.00.99

38

9/77

7051 ACTAGGCCGT GCTCCAGTAG AGACTCTGTG GGGGCTCTGA CCCCAGATTT  
7101 CCCTCCTGCA CTGCCCTAGC AGAGATTCTT CATGAGGGCC GTGCCCCTGC  
7151 AGAAAACCTCT TTCCTGGGCA TCCAGGCATT TCCATACATC TGAAATCTAG  
7201 GTGGAGGTTC CCAAACCTCG ATTCTTAATT TCTGTGCACC TGCAGGCTCT  
7251 CTACCACGTG GAAGCTGCCA AGGTTTGGGG CTGCAACCCT CTGAAACCAC  
7301 AGGCTGAGCT ATACCTTGGC CCCTTTTAGC AATGGCTGGA GTGACTGGGA  
7351 CACAGGGCAC CAAGTCTCTA GGCTGCACAC AGTATGGGCA CCCTGGGCCC  
7401 AGCCCTCAAA ATCATTTTTT CCTCCTAGGC TTCTGGATCA GTGAAGGGTG  
7451 GGGCTGCCAT GAAGACCTAT GACATGCCCT GGAGACATTT TCCCCATTGT  
7501 CTTGGGGATT AACACTGGCT CCTTGTTACT TATGCAGATT TCTGCAGCCA  
7551 GCTGAATTC TCCTCAAAAA ATGGGTTTTT CTTTCTACT GCATTGTCAG  
7601 GCTGCAAATT TTCTGAACCT TTATGCTGTT TCCCTTTTAA AATGCGATGC  
7651 TCTAACAACA CCCGTCACCT CTTGAATGCT TTGCTGCTTA GAAATTTCTT  
7701 CTGTCAGATA CCCTAAATCA TCTCTCTCAA GTTCAGAGTT CCACAAATCT  
7751 CTAGGGCAGG GGCAAAATGC CACCAGTCTC TTTGCTAAAA CATAACAAGA  
7801 GTCGCCTTTG CTCCAGTTCT CAGCAAGTTC CTCATCTCCA TCCGAGACAA  
7851 CCTCAGCCTG GTCCTTATG TTTATATCAC TATAAAAATT TTTGTCAAAG  
7901 CCATTCAACA AGTCTCTACT CCAAACCTTC CCACATTTTC CTGTCTTCTT  
7951 CTGAGCCCTC CAAATTGTTC CAGCCTCTGC CTGATACACA GTCCCAAAGT  
8001 TACTTCCACA TTTTGGATA TCTTTTCAGC AATGCCCCGC TCTACTGGTA  
8051 CCAACTTACT TTGTTAGTCC GTTTTCACAC TGTTGATAAA GACATACCCA  
8101 AGACTGGAAA GAAAAAAGG TTTAATTGGA CTTACAGTTC CACATGGCTA  
8151 GGGAGGCTTC ACAATCATGG CAGGAGGCAA AAGGCATTTT TTACATGATG  
8201 GCAGCAAGAG AAAATGAGGA AGATGCAAAC GCAGAAATCC CTGATAAAAC  
8251 CATCGGACCT TGTAAGACTT ATTCACTACC ACTAGGACAG TATGGGTGAT  
8301 ACCACCCCCA TGATTCAAAT GATCTCCAAC CAGGTGCCTC CCACAACACA  
8351 TGGGAATTAT GGGAAATACA TTCAAGATGA GATTTGGGTA GGGACACAGA  
8401 GCCAACTAT ATCACATGGA TTTCTTATAC TTTTGCTTTT AATAACACAA  
8451 ACAAAAAAAT ACATCATTA AAGGTTAGAA GTGAGAAGGT GTTTTATGG  
8501 AAATCAAAAA TAATATCACC TTAGTGAACA GTATTCTTAT GATTGTAGTT  
8551 GAATTAGAGA GCAGAATACA TCTAGAAGAT TCAGTAGTAA GCATGTTTCT  
8601 TCGATTAATG GAAAATTTG ATAGCCTAGC TGATTGAGAT TGAGGTTACT  
8651 ATTAAATGCC TGAAGTATA GAGTTGGTTG TTTATGTAAA CAAAATATCT  
8701 GTTTTACATG TACATGTGTA AGTAGGACTG TTGAGCCCCA GTAACATGAA  
8751 ATATCAAAGA GCATGACTCG AATACCTGCC ATATGAAGTG CTATTACATC  
8801 AAAAAAGAGG CGTGTGCTGA AAAATTACCT ACAAATGGCA TTTTCCTCAA

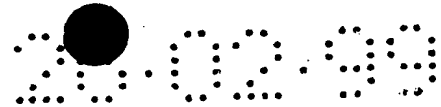
Fig. 2 (Forts. 4)

10/77

8851 ATCAATTTTA AATCTTCAGA ATTTCAATTTT AATAATTGTT TAGTTAATAT  
8901 TTCAGAATCC CTCATCATAA AAAGCAGGCA AAAGGCAAAA GTCCTTGAAT  
8951 GTATAACACA TTTGTTTTCA AACAAGCCTG CCTCTAACTG TGAATCCAGG  
9001 AGTGAATCCA GAACTACAAA TTAACATAAGA TTGGCCCCAT CGAGTTACTG  
9051 AACGTTAAAA ATCTAAAAAC TAAAAGGCAT GCCTCAACAA TTATTTTCTT  
9101 CTTGGAATCA TTAATTAACC TATGTGTATC CAAACAATAA TCTTCCAGCA  
9151 GTTTCGCTAG CTACATTTTTT AATTACTTAA TATCATGTAA AATTTGTTTT  
9201 ATTATTGTTT AGTTCCTGAAT TTTGACATAT GCATCAAGCC ATGCAACTGC  
9251 TACCACAGTC TTCCTGATCA CTGATCTGTT CTAAATCTCT ATAGCATTTT  
9301 TCCTTTTCTT AAATGTTGCA TAAATAAAAC CATACCTTAT GTGGCCTTTT  
9351 GAATCTGGCA TCTTTAACTT AATGCGCTTG AAATTAATCT ATGTCATTTC  
9401 ATGTATCAAT GGCTCAATCT TTTTAATTGT TAAGAAAAAA TGTATGCTGG  
9451 GATAAATATC TTTCTAAATG AGTTTTTGT CACAATGCTG AGTGTTTGTT  
9501 TAGGATAGAG TCCTAGAAAT GGTATCACTA GGTCAAACAT TCAAATAATT  
9551 TTAAAATATT TGATACATAT TGCCAAATAA TCTCAAATTT TTTACCAATA  
9601 TACATTTATG ACAGTATGGG ATAAATGTGT CTTTCTTATA CCAACTPGACA  
9651 ACATTAATGA TAATACATAA AATATTCCTT GCTAATTTGA TGGGACAGAA  
9701 ATGTTATATC CTTATTAGCA TTTTATTATT GTGGTTGAAT GACTGTACTG  
9751 TACAGCCAGA GATATTTGGT TCAAAATCCA TCTTCATTAT TTAGTGTATG  
9801 TGAAAATTTA GGTGAGCTAT TTAATCTCTT GATGCCTTAG TCTCCTAATC  
9851 TATAAAGTGG GGATAATTGT ACCAATCATA TTAGGTTTCCT GTGAGAATTA  
9901 ACTGAATTAC TATAGAAAAT GCTTAGAATG GTATCTAGTC ACCAGGAAGG  
9951 ACTCTCTCTG TATTACTTGT TTATTATCTA ACACGTTTAA TTATTAATGA  
10001 AGCTCAGTTT CGTTATATGC TTGGGATATT TGAACTTTT CTTAGTGAAT  
10051 TTTCCAATAA AATTATTTGT CTATTTTCT ATGGACAAGT TGGTATTATT  
10101 CTTACTGGTT TGTTTCAGGT TCAGTTAGTA AGAATTTTAA GGATTTTCTA  
10151 TCACATTTTA GCAAACCTTT TCTGCATTTT ATCTTTTTTC TTTCAGATAA  
10201 TGTTTGCAA ATGTAAAAA AACAAAAGGT TTCTTCATCA AGTTGGTATC  
10251 TTTATCTTTT TTATTGCTTT GTGATTTGAA AATTCTTGTC CTGAGAACCA  
10301 AAATATATAT TTGATGAAAT AGTTCTCTTC TTTTACTCAT TCTGAAGTCA  
10351 TTGGAATTGA ATTTGGCATA TGATATAAAT CCTAATTTTA TATTTTATGA  
10401 TATTCAAAAT TTCTAACAAA TATTTACTTA ATAATCTAAT CCAGGTTTCT  
10451 ATTGTTTCTT CTGTTTCCTT TATAATGCTT TTTCTGAAGT TATTTTTCCT  
10501 AGACTTAAAT ATTAGTATAA TATTATCATA GAGGAAAAAA TATCTGTTAG  
10551 CTATGAATAA AAGGCTTCA TCTTATTGTT GCATTAATAT ATTTAAATGT

Fig. 2 (Forts. 5)





11/77

10601 AGAGAGCATA CAGATTAGCA AAGAAAAAGT ATAATTGCCT TTTTTTATAG  
 10651 TTGACATGAA CATGTATAAA GAAAAACCAA AAAAATCAAT AAAACAACATA  
 10701 GAACTTATTA GTGAATTTAG CAAGATCATA GCATACAAAG CCAAGATTCA  
 10751 AAATTCCATT TTATTTATCT ACTAACAAAA AATATTTGAA ATTTGAAAAAT  
 10801 TTAAATATGC CATTTACAAT AACATCAAAA TATTGAACAA TAAAGTATTT  
 10851 AGGAATTAT AAAATGAAAT CTCCTATACC AGGAATTACA GACCATTGCT  
 10901 GAAATAAATG AAAGAAGACC AATATATGTG AAGAGATACT CATTTGTGGA  
 10951 TTGAGAGACA ATATTGTTAA AGTATCAGTA TTTCCCAAAT TAATCAATAG  
 11001 ATTCAATATA ATGGTGAACA GAACACCAGA AGATGTTCTG TCGAAGCTGA  
 11051 CAAGCTATTT CTATAATTCA AATGGAAATG CAAAAGGCAG TCACTGCCAA  
 11101 CACCAGCATG GACTGTCTGG GTTCCAGTAG GTTACTTCAC TACTGCCTCT  
 11151 TCTGTCAGCC ACATCACGAC AGCTGCCCAG AAGCCAGAGA AACTCCTCAC  
 11201 ACCTGGCCCA CTGCTGCAGC TACCAGCATC CAGGCAAGCC ACCATCAGCC  
 11251 CACTGGTAAC TGCCAACAGA GGTACCACTG TACACTACCC TGGGGAACAA  
 11301 AGATAGGCAT GTAGTCAGCC CACCTCTGCC ACCACTAGGG CCTGAAGCCT  
 11351 GGCCACCTG ACACTGCAGT CCTCAGCACA GCTTCATCAC AGCTTCTGTT  
 11401 AATAACCACA CCCTAACCTA CCAAGGAAAT CACAAATGTC ACTGACACTG  
 11451 TTTGTAGCCA AAGAAATCAT AGAGAGACTA CATTACTGCA CACACCCATA  
 11501 ATCAAAGCCA CAGTACCCTA TCCAGACAAC ATCACAGGTA TATCTAAAGG  
 11551 AAAAAATTTT CCCATATGAA AGCGAATTCA AATATAGGAA GAAGCGACTG  
 11601 TTACAACAGA TATGCAGATA AAGCTTCAAC AATATCCTAC ATTCAACCAG  
 11651 AAGAAAGAAT CTCAGAAGGT AAAGACAGGT CTTCTGAAAT AATCTAGTCA  
 11701 GACAAAATTA AAAGAGAATA ATCAAATCCT TCCTGACATT TGGGATAACA  
 11751 TTAAAGTGAC CAAATATACG AATTATAGAT ACCCCTGAGA GTGAAAAGAC  
 11801 AAAGAAAAGA TTAGAAAACC CACTTAATTA AATAATATAT GAAAACCTCC  
 11851 TAAGTCTAGC AAGAGTTTTA GATATTTGGG ATGCAGGAGG CTCAATGGTC  
 11901 CCCAGGCCGA TAAAACGCAA AAAGGTCTTA TACACAGCAC ATTACAATCA  
 11951 GACTGTTTAA AGTCAAAGAT AAGGAATAAA TTCTAAAAAC AGCAAGAGAA  
 12001 AGTGTATGAT AACCTATGAA GTAAACCTTA TCAGACTGAC AGCAAATTTT  
 12051 TGGCAGAAAC TTTACAGGCC AGAAAGAATA GGACAAATA TTCAAAGTGC  
 12101 TTAAAGAAAA AAAAACTAT CAGCCTTAAA TACTATAGCC CACAAAATTA  
 12151 TCCTTCATAA ATGAAGGAGA AATAAAAGGT TTCCCAGACA CGAAAATGCT  
 12201 GAGGTAGTTT GTTACTACTA GACTGGACCT ACAATAAATG CTCAAGGGAG  
 12251 GTCTGGAAC TGGTAGTGAA AGGACGACAT TTATCATCAT GAAAATACAT  
 12301 GAAAGTATAA AACTCCCTGG TAAGCAACTA AAGGGAGGTA TCAAATGTTA  
 12351 CCACCAGAGA AATCTAACTA ACCACAATGA CAAACATAA GGGAAAAAGA

Fig. 2 (Forts. 6)

12/77

12401 AAGGAACAAA AATATATAAG ACAACAAATA AACAACAATA TAACAGGAAG  
12451 CCTCACATAT CAGTAATCAC TTTGAATGTA AATGAATTAC ATTCTCCACC  
12501 TAAACGTTAT GAAATGCCTG AATGATAAAA CTATATGATC CAAATATATG  
12551 CTGATTACAA GAAACTTACC AGGCAGACAT ACATAGGCTG AAAGTAAAAG  
12601 AATGGTAAAA GATATTCCTT GCAAAATGGAA AGCAATAGTG AGCAGGAGTA  
12651 GCTATACTTA AATTAGATCA TACAGACTTT AAGTCAAAAA GAGTAAAATA  
12701 AAAAAGACAA AGGATGTTAT TATATAATGA TGAGATTAAC CCAGCAATGG  
12751 GAAATAACAA CTCTAAATGT ATATGCATTC AACACTAGAG AACTCAGATC  
12801 CACAAAGCAA ATATTAGACC TAAAGAGAGA AATAGACTGC AATACAGTAA  
12851 TAGTGGAGAA CTTCAACACT CCACCTTCAG TATTAGACAG ATAATCTAGG  
12901 CAAAAAATCA ACCAGTAAAT TTTAGATTTA AACTAGATTT TAGACCAAAT  
12951 GGACCTAACA GACATTTACA AAACATTCCA TCCAACCACT GCAAAATGAA  
13001 ATTTGTGTCA TCAGCACATG AAACAATGTC CAAGATAGAC CACCATATGT  
13051 TAGGCCACAA ATCATGTCTC AGCAATTTTT TAAAAGTTGA AATCATATCA  
13101 CATATCTTCT CAGACCACTG TTGAATAATG CTAGAAATCA ATGCCAAGAA  
13151 TAACGTTGGA AACTATACAA ATACATGCAG ATTAAACAAC ATGTTCTCTGG  
13201 TTGATCACTG GGACAATAAG GAAATTAAGC TGAAATCAA AAAATTCCTG  
13251 TAACAAATAA AGATTGAAAC ATAACATATC AAAACCACTG GCATACAGCA  
13301 AAAGCAGTGC TAAGAGGGAA GTTTATAGCA ATAAATGCTT AACTGAAAA  
13351 AGTAGAAATA TTTTAAAAAT AGCAACCTAA CAATGTGCCT GAAGAAACTA  
13401 AAAAATCAAG AACAAATCAA ACCCAAATC AGCAGAGAA ACACAAAAAT  
13451 AAAGATCAGA AAAGAACTAA ATCAAATAGA GACTAAAAAA ATACAAATGA  
13501 TTAACAAAAC TAAAATTTGG TTATTCAACA AGATAAATAA AATTGATAAA  
13551 CCGCTAGATA GACTAAACAA GGAAAAAGAA TATCCAATA AACACAATCA  
13601 AAAACGATAA AGGAGACATT ACAACAGATG CCACAGAAAT AAAAAGGATC  
13651 ATCAGAGACT ATTATTAACA ACTATATGCT GAAATATGGA AAATATAGAG  
13701 AAATAGATAA ATTCCTAGAA ACTTACAACC TACCAAGCTG TTGCATCAGG  
13751 AAGAAATAGA AAACCTGAAC ATATCAGTAA TGATTAGCAA AATTGAATCA  
13801 GTAATAAAAA ACATCTCCCA ACTCTTTTAA AGCTTTGGAC CAAATAGCAT  
13851 CACAGCCTAA TTCTACCAAT CATGCAAAGA AGAATACCAG TCTTCTTGAT  
13901 GCTATTACAA TAAATCAGAG GAAGGAATTC TCTCTGGCTC ATTCTACATG  
13951 ACCAGTGTC AATTGAAACC AAAACCTGAC AAGGACACCA CAAAAAGAAA  
14001 ACTACAGGCC AATAACCATG ATGAACACAG ATGCAAAAT CATTAACAAA  
14051 ATACTGGCAA ACGGAATCCA ACAGCACATC AAAAAATAA TATACCACAA  
14101 TCCAGAGGGT TTGTATCAAG GATACAAGTA TGAATCAATG TAAATAAATC

Fig. 2 (Forts. 7)

14151 AATAAACATG ATAAGCATCT TCACAGAATA TAAGACAAAT GAATATATGA  
 14201 TCATCTCAAT AGATGCAGAA AAAAATTTT GATAAATTTT AACATCTCTT  
 14251 CATGAAAAAA ATCTCTAAAA CTCAGCATAG AAGAAACATA CCTCAATATA  
 14301 ATAAAGGCCA TATGTGACAA ACTCAGAGCT AATATCATAC AGAATGGGGC  
 14351 AAAGTTTAA GACTTTCCTC TAAGAACTGG AACAAGACAA GGATGCAAAC  
 14401 TCTCACCCT CCTATCCACA TAGTACTAGA AGTCCTAGCC AAAACAATCA  
 14451 GACAAGCAA AGAAATAAAA AGTATCTAAA TTGAGAAGAG CAAGTAACAT  
 14501 TGTTCTCTT TGCTGATGAT ATGGTTTTGT ATCTGGAAAA TACTAAAAAC  
 14551 TCCAGCAAAA ACCTCTTAGA TTTGATTAAT TAATTTAGTA AAGTTTCAGG  
 14601 ATACAAAATA AAAATACAAA AGTCAGTAGC ATTTCTATGC CCCAATAATA  
 14651 AAATAGCTAG GAAAGAAATC AAGAAAGTGA TCCCATTAA ATTAGCTACA  
 14701 AAAAATTAAA ATACCTGGGA ATAAATCAAG GAAGTTAAAG ATCTCTGCAC  
 14751 AAAACTACAA AACACTGATG AAAGAAATTA AGGATTAAAC AAACAAATTG  
 14801 AGAAACATCC CATGTTTATG GATCAAAAGA ATTAATATCA TTAAAATGAC  
 14851 CATACTTCCC AAAGCAATTT CCACATTCAA TGCAATTTCT ACCAAATTAC  
 14901 CAATGTCATA TTTCATAGAA TTAGAATAAT CCTAAAATTA GTATGGAATG  
 14951 AGAACAGAGC CCAAATAGCC AAAGCAATTC TGAACATAAA GAACAAATCT  
 15001 GGTCCTGACT TAATCACTAT GCAATCTATG CATGTAACAA AATTGAACAT  
 15051 GGATTTTATC AATTTGTACA AATAAAAAAA TGTAAAAAAA GAACAAAGCT  
 15101 GGAGGCTATA GTAGCCAAAA CAGCATGGTA TTTTGTAGACA AATGGAATGG  
 15151 AATAGAAAGC TCAGAAATAA AGCCATATAT ATATATTGTG TGTGTGTGTG  
 15201 TGTGTATACA CACATACATG TATATATAAT GTGTACATAT AATGTTTTCT  
 15251 ACATGTTCTA ATATTTATAT TCCATTCCAT TATACATATT CCATTTCTGT  
 15301 ATATAGGTTA TATAGAATTG GAAGACTATC TGCCATTAAA AAGAATGAAA  
 15351 TCCTGTGATT TGCAGCAACA TGGTTGAAAC TGGAGTTCAT TATCTTAAGT  
 15401 GAAATAATCT AGGCACAAAA AGATAAATAT CACATGTTCT CACTTATATG  
 15451 TGGGAGCTAA TAACTTGATT ACATGAAGGT GGAGAAATGA AAGGTAGGTA  
 15501 GGAAACAGAG ACTGGAAAGG ATGAATGGAG GGTAGGAGG AAGGTGAAGA  
 15551 GAAGAGAGTT AAAAGGTGTA AACATATAGT TAAAAGAAAT AAATTCAATG  
 15601 CTTGATAGCA GAGTACAGTG ACTACAGTTA ACAAATGTA TTATACTCAG  
 15651 GTGATGAACA CCTAAATACT TGATCACTAT GCAATTATAT ACGTGTAAAC  
 15701 AAATCACTAT GCACTATATA CGTGTAATAT TAAATGCGTA CAAATAAAAA  
 15751 TAATAAAATA CTAATCCAGT ATCATTCAT GACAATGTTA ACTCAGGTGG  
 15801 ATAGGCATTA AGTCAATACT ACTATAAGAA CCACTTCTTG TTTATGTTAA  
 15851 TGCCATATAG AATGAAATAA AATCACTAA AATCCAAAA ATTAGAAAAA  
 15901 CTATCAAAAC TCAATAATAT TAAGACAACC CAATAAAAA GTGGTCAAAG

Fig. 2 (Forts. 8)

14/77

15951 GATTTGAACA TACATGTCAC CAAAAAATAT ATTCAAATTT CCAATAAATA  
16001 CATGTAACAA TGTTCGACAT CGTTAGTCAT CAGAGAAATA CAAAATAAAA  
16051 TGGTAATGAG ATACTACTAG ATAGGCTTTT ACAGAGACTG ACAATACCAA  
16101 GTATTGACAA GGATATGGAG CAACTGAAAT TCTCATTCCT TGTGGTAAGA  
16151 ATGTACAATT ATATAACCAC ATTGAAAAAA CAAGTTTTC A GTTCTTTTAT  
16201 TCACCCAAA TATATGTCTT TTGGAAAAAA TTTTTCAG TCTGTGGGTT  
16251 GTGTTCTCAT TCTCTTGATA TATGTCTTTT CAAAGAGGCT GAGCTTTACT  
16301 TTAGACAGTG GTCATCAAAG TGTGTATATT TGTGTTTTTA TAATTTATAT  
16351 GCATATATTC CTGTGAAAAG ATACTGTATG CATTGTTCAA CATGTACAAA  
16401 TATAAGAAAG ATATAGTAAA GAAATATATA TTTCTAAATT TATAAATGTA  
16451 TTTATTGGTG TTCCACGTTG CAAACTAAAT AATCTACGTT GGCTAATTTA  
16501 AGGAATTAAA CTATAGTAGA AGGTTCTCAT TTATTGGGAT GATTAGAACC  
16551 AGCCTTTTTG CAGGCTATTA GCGAATCATA GCACTAGGGC TTCCTGCTA  
16601 CCTCCACTGA CACCTCTGAC ACTTGAACT TGAGGCCAGA TATCTGCCCA  
16651 TGCTGATAGA AAACAACTGA ATAATTTAAT TTGCTAGATA ATAGAAAAGA  
16701 ATCAAATGAC TCTGCCACAT TGCTTGCCAG AAGATTGTTT TTCTCATTTG  
16751 TGACCTCTTG CCTATAAATG ATAGATAGTC CCTGTGCTGC ATGCTATAGG  
16801 TGTTCTGTAAG AGAGTCTGGG AATGTGAGCT TTTTATATCC TATTTTTGGG  
16851 TGGTAAAGGT CATTCTATTA GTCTGTTCTT AAAGTCTAA TGAAGACATA  
16901 CCCCAAATTG GGTACTTTAT GAAAGAAAGA GGTTTAATTG ACTCACAGTT  
16951 CAACATGACT GGGGAGGCCT AAGGAAAGTT ATAATCATGG GGAAGGGGA  
17001 AGCACACATG TCCTTCACAT GGTAGCAGGA AGGATAATGA GTAAAAGGGG  
17051 GAAAAGCCCC TTATAAACT ATCAAATCCC ATGAGAACTC ACTCTCACA  
17101 GAACACAATT AGAGTAACTG CCCCCATGAC TCAATTACTT CCCACCAGGT  
17151 CCCTCCCACA ACACATGGGG CTTATGGGAA CTACAATTCA AGATGAGATT  
17201 TGGGTGGGGA CACAGCCACA CCATTTCAAT CCACCTCTGA CCCCTCCCAA  
17251 ATCTCGTGTT CTCACAATC AAATACAATC ATGCCCTTCC AACAGTCCCC  
17301 CCAAAGTCTT AACACATTC AGTATTAACA CAAAAGTCCA AGTCCAAAGT  
17351 CTAATCTGAG ACAAGGCAAG TCCCTTCTGC CTATGAGCCT GTAAATTGCA  
17401 AAGCAAGTTA GCTACTTCCT AGATACAATA GGGTCACAGT CATTGGGTAA  
17451 ATACACACAT TCCAAACGGG AGGAATTGAC CAAAACCAAG GGGCTACAGG  
17501 CCTCATGGAG GTCCAAAATC CAATAGGGCC ATTGTAAAC CTAAAGTTT  
17551 CAAAATTATC TCCTTTGACT TCATATCTCA CGTCTAGGTC ATGATTATGC  
17601 AAGAGGTGGG CTCCACAGC TTTGGGCAGC TCTGCCTCTG TGGCTTTGCA  
17651 GGGTACAGCC CCACTCCAGG CTGCTTTTAC AAGCTAGTGT TGAGTGCCCTG

Fig. 2 (Forts. 9)

25.02.99

15/77

17701 CAGCTTTTCC AGGCACATGG GTGCAAGCTG TAGGTGGATC TACCATTCTG  
 17751 TGGTCTGGAG GATGGTGGCC TTCATCTCAC AGATCCACTA GGCAGTACCC  
 17801 CAGTGGGGAC TCTGTGTGGG GGCTCTGATC CCACATTTCC CTTCCACACT  
 17851 GCCCTAGCAG AGGTTTACCA TGAGGGCTCC ACCCCTGCAG CAAACTTCTG  
 17901 CCTGAACATC CAAGCATTTT CTTACATCCT CTGGAATCTA GGCGGAGGTT  
 17951 TCCAGACCTC AATTGTTGAC TTCTCTGCAA ATGTAGGCTC AACACCCCAT  
 18001 GGAAGCTGGC AAAGCTTGGG GCTTTCACCT TCTGAAGCCA TGGCCTTAGC  
 18051 TGTACCTTGG CCCTTATTAG TTAAAGCTGG AGCAGCTGGG TTGCAGGGCA  
 18101 CCAAGTCCCT ATGGTGCATA CAGCAGGGGG GCCCTGGACC CAGCCCACAA  
 18151 AACCAATTTT CCCTCCTAGG CTTCTGGGCC TGCGATGAGT AGGGTTGCCA  
 18201 CAAAACCTGC TGACATGCCT TGGAGACATT TTCCCTATTG TCTTATTAAG  
 18251 ATTTGGCTCA TAGTTACTTA TGCAAATTC TGCAGCAGGC TTGAATTTCT  
 18301 CCTCAGAAA TGAGTTTTTC TTTTCTATGG CATCATCAGG TTGCAAATTT  
 18351 TTAAACCTTT TATGCTCTGC TTCCCTTTTA CAATTAAGTT CCAATTCCAA  
 18401 ACCATATCTT TCTGGATACA TAAACCTGAA TGCTTATAAC AGCACCCAAA  
 18451 TCATATCCTG AACACTTTGC TTCTCAGAAA TATCTTCTAC CAGATACCCT  
 18501 AAATTATCGC TCTCAAGTTC AAAGTACCAC AGATCTCTAG GGCAGGGGCA  
 18551 AAATGCCACC AGTCTCTTTG CTAAAGCATA ACAAGAGTCA CCTTTGCTCC  
 18601 AGTTCCCAAC AAGTTCCTCA TCTCCATCTG AGACCACCTT AGCCTGGATT  
 18651 TCATTGTCCA TATCATTATC AGCATGTTGG TCAAAGCCAT TCAACAAGTC  
 18701 TCTAGGAAGT TTCAAACCTT CCCACATCTT CCTATCTTTT TCTGAGGCCT  
 18751 CCAAACCTGT CCAACTTCTG CCTGTTACCC AGTTGCAAAG TTAAGTCCAC  
 18801 ATTTCTGGGT ATCTTTACAG CAGTGCCCCA CTCCTGGTAC CAATTTACCA  
 18851 TATCCATTTA TTCTCATGCT GATAATAAAG ACATACCCAA GGCTGGGTAG  
 18901 TTTATAAAGA AAAAAGAGGT TTAATTGACT CACAGTTCAG CATGGTTGGC  
 18951 AAGGCCTCAG GAAACAGAAT CATGGTGGAA GGGAAGCAA CACATCCTCC  
 19001 TTCACATGGT GGCAGGGAGA AGAATGAGCA AAACGGGGGA AAAACCCTTA  
 19051 TAAATCATC AGATCTCATG AGAACTCACT CTCTTGAGAA CAGCATGAGG  
 19101 GTAACCATGT CCATGATTCC ATTACCTCCC AACGGGTTCC TCCCATGACA  
 19151 CGTGAAGATT ATGGGAACCT CTACAATTCA AGAGGAGATT TGGGTGGGGA  
 19201 CACAGCCAAA CCATGTCAGT CATGATATGA GAAATTATCA AATTAAGATG  
 19251 TAGGGAAGGT TTTTAAAGA TTTGAGCAAC CACAAATGAC AGATATGTGC  
 19301 TATAGTAGTG CAAAATACCA TTTTGCTCTT ATTAAAAATA TAATTGTTCT  
 19351 TGATAATCTG AATTATAAAT GTCATGGATA ATTATGATGC ATTATGCTCT  
 19401 CAGCAGCTAA AACTTCAAGC AAAATACACA CCTAGAGAGC AATCAGCCTT  
 19451 AACAATAATT CTATAAATTT AATTTTCTTT ATTTCTGATA ATTACATTTT

Fig. 2 (Forts. 10)

19501 AGTTGACTTC ATATGTGATC TAAATACATT ACCATTATTT TGGACTTATG  
 19551 ATGTAGCTCT TGAAGTACAT ATATGATGTA GCTCTTAAAG TACATATAGA  
 19601 AGAGCAGATA AAGTATCAGT TCACCATTTC TTTGTAGTTT GTGCTTTCAT  
 19651 GATGAATATT CTCATCAATG TACAGATTAT TTGCAGGAGC CTTTTAAATC  
 19701 CATGTGTCCA TTTTATGAGA CTTAGCTTTT GTCTGTATAT AATGTGTTTA  
 19751 TTCAGTGTGC ATGGATTAAT TTGAGAGAGC ACAGGTATGG GTATCTTTAC  
 19801 AGCAGTGCCC CACTCCTGGC ACCAATTTAC TGTATTAGTT TATTCTCATG  
 19851 CTACTAATAA AGACTATATA TCACAATAAA CTGAGAACCA GCTGGTAAAT  
 19901 GAGAGAACTG TGGTCCACCT TTTCAATTGTG GAGTTCTCAT TTTCTTAGC  
 19951 TTATGCTGCT TATTCAACAC TATTTCTGCA TAATCTAATG CATTCACTAA  
 20001 ATGAAGGTGC TGTGTTAGCC TCCACATGAT ATTAATACAG CCTATTTAAT  
 20051 TTATCCTTCT TTAGATTAAA AATAAATAAG TAGTCATGTG CCACAGAATG  
 20101 ACACTTCAGT CATTTGGTCA TTGAAGGACC ACATCTATTA CTGTGGTCCA  
 20151 ATAAGATTAT AATAACATAT TTTTCCTGTA CATTTTCATT GTTCTGATAT  
 20201 GTTTTGATAC ATAAATGCTT ACCATCGTGT TAGAGTTGCC TGCAGTATTC  
 20251 AGTACAGTAA CATGCTGTAC ACCTAGGAGC AACAGGCTAT ACCACATACC  
 20301 TTAGGTGTAT AGTTAGGTTA TACCATCTAG GTTTGTATAA GTACACTCTA  
 20351 TGATGTTCTC ACAATGAACA AAATCACCTA ATGATGCATT TCTCAAAACA  
 20401 TGTCCCTGTC ATTAATACAG TATGTAACAA TACAGTTAGT ACAATATGTA  
 20451 ATACATGACT ATATTCAGAA TTTTAGCTAT TTCTCTTATA TTTCAAATGG  
 20501 ATTTTCTTAT GCACTGTGTG GCACGGGCAT TTCATTTTAG TAACCACAGT  
 20551 CTGGGAAAGG AGAAGTCTTT GAAGGATGTT GAGCAAGGTT ATGACATGGC  
 20601 CAGATGTGAA TTTTGTATCA GTGACTCCAT GTTAGCAGAT AAAGTTGTAT  
 20651 TGGGAAAGAT CAAAAGCATG AAGGCCAGAT AAGAGGATAC TGTATGTTAT  
 20701 CATGGATGGA AATGTGAGGG ATGGCAGGAG AGATGCTATG ATTGAATGAA  
 20751 TCTCAATATT CTGGTGATC AAAGAATAAT GAGACTCATC CAATAAGACT  
 20801 CTGTGAATGA TTGAATGTAG TTCCTAAGCT AGGAGGAAGA ATGAGGAATG  
 20851 ATTTTCTGGT TCCTGACTAC AGCACAAGTT TTTGATTTTT AGAACAAAGA  
 20901 ATAAATTTGT ACATGCTTTA TGATTCTTGG TTGAATTTTT AAGGATAAAA  
 20951 AAGTCAGCTG TAATATTATT CTTTCCTGAT ACCATGCAGT ATTTGTATCA  
 21001 GTGATCTTAT TCATTCCACA CACATTCTTC TTGAACCTGG ACACTGCTCT  
 21051 AGACACTGAT TCTTTCCAAA TATCAGATAA GGTATTCTT ACGTAGACCC  
 21101 TCAGTTCATA TAAATATGAT TTTCCCAAAA TGTGAAATAA GTGACTTTTC  
 21151 ATAAGATATT TTTTAAAAGA ATGTCTTAAT AATAAATTGT GAATGTTGCA  
 21201 TGGAAATGTA GGTGACTTGC ATTGTGCATC CTGTGTTTGA TTCACTGCTC

17/77

21251 TTGCATGTCT TGCCTTTAGC TGGGATGACA GCAGTTCAGT GAGCAGTGGT  
 21301 CTCAGTGACA CCCTTGATAA CATCAGCACT GATGACCTGA ACACCACATC  
 21351 CTCTGTCAGC TCTTACTCCA ACATCACCGT CCCCTCTAGG AAGAATACTC  
 21401 AGGTGAGAAT TACCACCTTT CTTTTTCCAG TGTTCCTGCC AGCTTTTTTCC  
 21451 CCAAATTAC TTAATATTAG ATTAAGGTAT AGCACAAGCC CTTAATCCAA  
 21501 AATTATTACA GAAACTGGAA AATGCAGAGA TAATAAGGAC TCCCTTTGCC  
 21551 ACTCCTGAA CCGTGAAGCAT CTTTCATCTT AGTCTTTCCT AAAGCCACAA  
 21601 CCCTTAGGAG GAGCAACAAT GTGCACTGCA GCCAATTTTG AATAAACAGA  
 21651 AGCAGCTTAT ATATATATAT ATATATATAT ATATATATAT ATATATGATA  
 21701 TACATTACAT ATTTATATAT ATGTAATATA TGTGCCATAT AGCCTGGTGG  
 21751 TATAGTTATC TATACAAATA TATTTATTTA TTGTTAATAT ATAGAGTATA  
 21801 TAAATATCTA TTTATATAAT AGATATTTAT ATATATTAAA TATCTATTTA  
 21851 TATAATAGAT ATTTATATAT ATTAAATATA TAAAAATATA TAACATATAA  
 21901 TAGATATATA TTTTATATAT TATATAAATA TATATTTATA TATTTAATAT  
 21951 ATTAATGATG AATTACTATA TTTGTATAGA TAACTACACC ACCAAGCTAT  
 22001 ATGGTGTGTA TATATTAATA TATAATGTAT AATCTATAT TAATATAATA  
 22051 GTAACATATC AATACTTAAT ATAATATATA TTCAATTGAT TACAATCTAA  
 22101 TTCAGAAAGA TTTATGTTGC CATATCTCTC CTTACAATAT CGATATGTTT  
 22151 GTTTAAAAAT CCAGCAATTA TTTTCATAGT CTAATTTTAG ATAGTTCTTG  
 22201 ATTAATTTTA TATGATCTCT GAAATATATC ACTGGATCTG TTGTGAATGA  
 22251 TAAATCAAAA ATGAAAAATG GACATTACAT CATTAAGTTC TAGCTTGTCT  
 22301 TACTACTTCT TATGACATTT GATATAGAAA ATTTCTACCT TTCTGTAGCG  
 22351 TTTAATTGGT GTTTTCTGCA TGTATTTATT CTGAAATTCT CTAATATCTG  
 22401 CAAGTGGGAA TTATGTGGCT AAAATTAATA AAATGTAAGT GAAGGTAAAT  
 22451 CAAAATAGAA TCTTTGGATT TATCCAGTTA TCTGAAAGTA CATTTCAATTG  
 22501 CCTTAATTCA CACTTTATAA ATTTTCTTAC ATAAAGTTTT TCTGTAATAT  
 22551 TTGTCTTTAT AGCTGAGGAC AGATTCAGAG AAACGCTCCA CCACAGACGA  
 22601 GACCTGGGAT AGTCCTGAGG AACTGAAAAA ACCAGAAGAA GATTTTGACA  
 22651 GCCATGGGGA TGCTGGTGGC AAGTGAAGA CTGTGTCTC TGGACTTCCT  
 22701 GAAGACCCCG AGAAGGCAGG GCAGAAAGCT TCCCTGTCTG TTTCACAGAC  
 22751 AGGTTCCTGG AGAAGAGGCA TGTCTGCCCA AGGAGGGGCG CCATCTAGGC  
 22801 AGAAAGCTGG AACAAGTGCA CTCAAAACAC CCGGTAGGCT TGTCGTTTGC  
 22851 CAGCTGTTAT GCAAAAGTGC TTTACTTTAT TGTTTCCATT CAATCTTTGT  
 22901 TTTCTCTAAC AATAGCATTT CTAAAATACC AAATTCTTAT CCATATTAAA  
 22951 CATGGAGTCA AATAGTTAAA TAGTTTTTCT GTCTACGTTT CACAACTCG  
 23001 TCATAGAAGC CCAAGTAGGG CCTATATCTA GGCATTCTCT GGAAAGCCTC

Fig. 2 (Forts. 12)

18/77

23051 CTCATAAACT AGGGGTACTG GATGCCTTAC CTTGCCAGAG TTATTTTCAGG  
 23101 TAATGGGGAA ATAAGATTAG GTTGCTAAAG CAACAGTTAA GTTTTTTTGT  
 23151 TTTTGTCTG. CGTTCTTAAT GAAAGTTTGG AATTTTTTACA CTAAATATGC  
 23201 CACTGAATTG CACTACAGAC TCTGAGAGGA ACAAGCAATG AACTAATCA  
 23251 ATTGGAATGC TGGAGATTG AAATATTGTC TGTGTATTAG ACTTCATGAA  
 23301 AGAAGAGAAT, GAAATAGTTC TTCAAAATTG TGCCATACTT TTTTAAAAA  
 23351 GAETCTCCCC GTATTTTTTAA AATAATGCCT AATTATAAAT AGTGCCACCT  
 23401 GAAGCACTAA TTAACAGGGT ACTCCAAATA TAATCATCTC ACAGATATTC  
 23451 AAATGAATTC TTTTCTTAGT AATTAGCTTG ATAGGGTTAA GTGTTACCTT  
 23501 TTTAAAAAGA GTTGCAAAAT ATAAGACATT AACAAATAGC AAAACATATG  
 23551 TTTTCATTTT ATCTCTTCCA TCTCTCATAA TGTTTCTTCT GACAGCCAAA  
 23601 TTTTGTAGC TATGCACTCA GTCCTCTCAA TATATGAGAT TTTTGATCTA  
 23651 AGCCAATACA TTTAGGAAGG GAAATAATAT AAAGAAGCAT TCACATTTTA  
 23701 CACATTGTTT CACGAAGTGT GGTGATATCA AACTCTACAG GCACATATAT  
 23751 TTGTGTATTT CTCCTTAATT AGGGAAAACC GATGATGCCA AAGCTTCTGA  
 23801 GAAAGGAAAA GCTCCCCTAA AAGGATCATC TCTACAAAGA TCTCCTTCAG  
 23851 ATGCAGGAAA AAGCAGTGGA GATGAAGGGA AAAAGCCCCC CTCAGGCATT  
 23901 GGAAGATCGA CTGCCACCAG CTCCTTTGGC TTTAAGAAAC CAAGTGGAGT  
 23951 AGGGTCATCT GCCATGATCA CCAGCAGTGG AGCAACCATA ACAAGTGGCT  
 24001 CTGCAACACT GGTAAAAATT CCAAATCTG CTGCCATTGG CGGGAAGTCA  
 24051 AATGCAGGGA GAAAAACCAG TTTGGACGGT TCACAGAATC AGGATGATGT  
 24101 TGTGCTGCAT GTTAGCTCAA AGACTACCCT ACAATATCGC AGCTTGCCCC  
 24151 GCCCTTCAAA ATCCAGCACC AGTGGCATT CTTGGCCGAGG AGGCCACAGA  
 24201 TCCAGTACCA GCAGTATTGA TTCCAACGTC AGCAGCAAGT CTGCTGGGGC  
 24251 CACCACCTCG AAAGTGAGAG AACCAACTAA AATTGGGTCA GGGCGCTCGA  
 24301 GTCCTGTCAC CGTCAACCAA ACAGACAAGG AAAAGGAAAA AGTAGCAGTC  
 24351 TCAGATTAG AAAGTGTTT TTTGTCAGGT TCCCCCAAAT CCAGCCCCAC  
 24401 CTCTGCCAGC GCCTGTGGTG CACAAGGTCT CAGGCAGCCA GGATCCAAGT  
 24451 ATCCAGATAT TGCCTCACC ACATTTTCGAA GGTAAGGATG TATAAAATGA  
 24501 TGCTGGAAAA ATATAAAGGA TAAATATGTG TTAGACACAT ACATTACATA  
 24551 TAAATGTGTG TATATATATA TTTTAAATAT GTATAAGGTA TATAATATAT  
 24601 ATATCTTAGA ATTCTTTAAA GTACACAGTG AGCTCTATGA AGCTTATCAT  
 24651 ATAAACAGCT AGCAAAAAAA ATAGTTCTCA TTTTGAGAAA CAGTCAAAC  
 24701 TCAAAGTTTC ACTGTCATTG TGATACTAGC AACACAAACA TCTAAGAGAC  
 24751 TTAAAAGCTG ATGGTAATAC CTAAGTGTAG TGATAAGGCA AAGTAATAGC

Fig. 2 (Forts. 13)



20.02.99 48

19/77

24801 TTGTAAAATT TCTATAGATT TCCATTCCCTC CTTTTACAT TAAAAATTAA  
 24851 AACCAAATAG GTTTTCATGA CTTTTGGCAT TCATTTCCAG TGTCATTTTC  
 24901 TTGCTGGCTC TTAATGAGTT GGTGATCATA AATGTAGATG AAGTTGTTTT  
 24951 CCTGTAAACA GATTCCATTG GACAGATTTA TACAGTGTCA TATCTTGACA  
 25001 CATTAAGAC AATCAAGATA TGACATAATT TGAACTATT CCAGTGTGTTG  
 25051 GTACAGTATC ACAACTGAAG AGTGGGCTAA GCTTTCTAAC TCTTCATCTG  
 25101 CTTTCTTTGA CATGACTCTG GTAAGGATCA TGACTTGGTT TCTGTTCCCTG  
 25151 GATTGTTTTT GGTGTTAAAT ATGTGAAGTT CTGCTCTAAG ATATCACTGT  
 25201 TTTTAAATAC CCATGTGTTT TTAAGTGGTA GGAAATAAA TGCAGTTAAA  
 25251 AATGGGGAC AAATATCTAA ACCTCTCTGA GTCTGTTTTC TCATCTGCAA  
 25301 AATGGTAGAG TGTGGTTTAT AGTTCATTAT GGGTTCAATA TTTTAAATGT  
 25351 TTGTTTTTAT TCTGTTGACT AAACCCAGAA CTTTGATATC TTGGAAAGGA  
 25401 AAGATTTTGA AACATTTATT TTACAATAAA GCAATTTTCAG ATACCTGATT  
 25451 GTTTGAAAAA CCTAAAGGCT TTATTCCTCC GTAGTAATAT TAATGCTGCA  
 25501 GAACTGTCTT TTTAAAATAC TGATTCTCAT TGGGAAGAAT GAATTATGGC  
 25551 GTATAGGGAG AGTAAATATT TCTGTTTCTT AAGTAAAAGC CAATAGTGCC  
 25601 CTCCTGTGGC CCATTACCTA TGAAACAATT TCTCATATTC GTCATAAAAT  
 25651 ATTTCACTGT AGGAAATATG GATTTCAATTG CAACTCAATT AGTAATCATT  
 25701 ATGCCATTAC TTCATATCAT TGTATTTCCA TATTACATA AATTTGATTC  
 25751 TACCATCTGC TTCATTTACA AAATAAAAT GTTTTCTGAA CTAAACTCCA  
 25801 AAATCTAACA GCACCAGCTC TGTTTCAAAT CACTATTAAA AAATGTATTT  
 25851 GAATAGCACT GGCAACTGAC ATAAAACCCT TTGGCCTCTG CTGGGGAAAA  
 25901 TACAGACAAA CTGACTTGTT GCCGACAATA TCAATATTGT TTCCAACCAA  
 25951 CTGCTCCCTG ACAGTGACTC AGACCACCAG ATACTCAACA CAACTCCCTA  
 26001 AACTTGCTTT AAGCGTTCCA TCTAGATTTT GAATAAAGT TTTAAAAATT  
 26051 TAAAAATAAA AAAAAAGAG AAGAGCTCAT TTAAGTGTTG TCTATCGAAT  
 26101 GCGTAGAAGT TGTTTCATTA TAATGGTTCT GTAAATAGGT AACAGCAAGT  
 26151 ATGGTCAAAC TACTGACTTT GAGTGAAAGT CTCATGATCA CTTAAATTAT  
 26201 GAAAACCAGG GGTTTTCATG TTTGACTTAC TTTGTTCCA CCCACTTCCC  
 26251 CTCTTTCCCT AGTAGCAGCT CAGTACTGAC CTACCCCTTAT ATGAGAGATT  
 26301 TTCTGCACTT GATAAAGAAG TCCAAAGCTTA TAAAAGTTCA TTAACATAGA  
 26351 GACAGGAAGT GCTTTGTAGT TCAGTACATC AAAGCACACT TGGCTCTGTG  
 26401 TACTGTAACC CGAAATATTA AATGTGGATA TTAGCTTCTT GGAACAACCTG  
 26451 AAGTTGTTAT TTGTTTTTCT TTTAGGTTGT TTGGTGCCAA GGCAGGTGGC  
 26501 AAATCTGCCT CTGCACCTAA TACTGAGGGT GTGAAATCTT CCTCAGTAAT  
 26551 GCCCAGCCCT AGTACCACAT TAGCGCGGCA AGGCAGTCTG GAGTCACCGT

Fig. 2 (Forts. 14)

20/77

26601 CGTCCGGTAC GGGCAGCATG GGCAGTGCTG GTGGGCTAAG CGGCAGCAGC  
 26651 AGCCCTCTCT TCAATAAACC CTCAGACTTA ACTACAGATG TTATAAGCTT  
 26701 AAGTCACTCG TTGGCCTCCA GCCCAGCATC GGTTCACTCT TTCACATCAG  
 26751 GTGGTCTCGT GTGGGCTGCC AATATGAGCA GTTCCTCTGC AGGCAGCAAG  
 26801 GATACTCCGA GCTACCAGTC CATGACTAGC CTCCACACGA GCTCTGAGTC  
 26851 CATTGACCTC CCCCTCAGCC ATCATGGCTC CTTGTCTGGA CTGACCACAG  
 26901 GCACTCACGA GGTCCAGAGC CTGCTCATGA GAACGGGTAG TGTGAGATCT  
 26951 ACTCTCTCAG AAAGGTGAGC TTTCTGGAG GCATTGATAA CATCTTCCCC  
 27001 CTCTTCCCTG CACTATGCCT AACCCCCACC CCATTAAATT CCCTTGATTT  
 27051 CACTGTGAGT GCCCCGGTGC AAAAAGATGT AAGACTGATG AAACCGGGCC  
 27101 TTTCATTTGC TCTCATTACC AAATTTACAG AGGAATAGAA TCATTAAAGG  
 27151 TAGGGTGAGT GGATAATTTT GTTAATATGA ATGCATACAT TTATACCCAG  
 27201 TAGGCAATGT GAATAAAATT CAAGGAATGT ATTTAGATAT TGAATGAGGT  
 27251 CTCCTGAAGA CATTTTAATG ATTTGGCTTA AGCTTCAGAA CAACACTAGC  
 27301 TCCTTATGAT GACTTAAGCA TTTTGAAAGA CCAAATTGAA ATTATTCTAT  
 27351 AGTTATGCTC AGAGCAATAT GTTAAATTTG TTCCATTTGT ACTTCTATGA  
 27401 AAAAAATAGCA GATGGATTGC TGGGAAATCC TAGTTGGCCT GGTAAAAAAA  
 27451 AAAAAAAAAA TCAATTGTCA GCCATGAATC ATTAGAGAAA ATTATAGTGT  
 27501 CAGTGCCATT TTCAATAGAC TGCTTAAAAA GTAATCATAT TACAAAGTGT  
 27551 TTCTCATTGG CTTTATATAT ATATATAAAC TTAAAGTAGA GGACATAGCA  
 27601 AGGCATTTCT TACCTAATAT GCTTACTGTG AAGCATCCCT TTTGAGCAAA  
 27651 ATCACTCTAA ATTTTCTCCT CAAAGTGATC CTCTCTTGAT TATACTGTAC  
 27701 TGACTCTTAC CACCAGGAAA ATGTCTTAAA ACCACTTCTT TTTCTTGATA  
 27751 AATGCAATGC TATTTGTCTC TTGACATAAG TAAAGCTTTA AACATGGTCT  
 27801 TGGCCACATG TGGAAAGAAA TACTGGTCAC GTAAAATACC TGATATATCT  
 27851 TTCTATGTCT TCCCCTGTTT TTTTATTTT TTTTATTTT TTATTTTTTA  
 27901 ACTCTGATAT TGATGATGGC ATTTATTTTC TAGACCTTCA GCCTTACTCC  
 27951 CGGAATGATA TTTTAAACA TCAATTAAAG CCCTTAGCTA GACACTCTCT  
 28001 GCATTACGCC AGTTTCCCCT TAATGTAGGA TGTCCCAATT TGAAATTCCC  
 28051 CATTTTCTCT TGACTTTGTA AAATACAAA CCCAGAGCAA AACATTGCTT  
 28101 CTTTCCCTCT TTACTTCCTA CTTGCCTAAC AATGAGACAG GGACAGCCGT  
 28151 GCAAATGGGG CTTTCCGATG ATAAAGTAAT TTTAACTA ACTAAAATAT  
 28201 TGGTGTTTCC TATGGTGGGC TGCTAATTAC AAAATACATT TTTCTCCTA  
 28251 AAGAAAAAAA CTGGGCCAAG GCAAACAGCT CAGTGATAGC AAATAAAATG  
 28301 TAACCATTTC CCTATGGTTT TGCTGTTATA TGCTATTATA GACAGCATAC

Fig. 2 (Forts. 15)

28.02.99

50

21/77

28351 GTAAAGACCA GTAAGGGTTC ATTTTTCAC CTAAAATGTC GGGCTTCCTG  
28401 TAAAATCTTT GATTCTAGTT TCAGCACTTC TAAGGTAAAT GGGCATCTTC  
28451 ACATGTCATT TATAAACTT CTAATGAATG AATTATATTA AAATAGATAA  
28501 ACAACCTATA GTTTTAATGA ATGTATCCTA GATTGTATGC TCATATGTAA  
28551 GGATTCTAAA TATCAACTTG ATAACCAAAC CAAACATAGT GCAAATAGGT  
28601 TATCATTTAT TAACCACAAC CACCTTCCAC AAAACTGGTC ATTTTTTAAT  
28651 TATTAAGATA ATCTGCAACA AGTTGGCCAT TTAGCCATCA GCCTATTTCT  
28701 TCAGCATTTA GACATTAATC CCAGATTCAG AAATAAAGTC AAGTAACTAT  
28751 TTATAACCAA GTAACATTCA AATCAAACT AGATGAAAGA TTGGTTAGTT  
28801 GCATAGCTAT AACCAAAATG CAGTTTAAAT ATTTTACTCT AATCTATATT  
28851 TTAAGTGAAG TCAATAAAAT TTCACTATG GAAATACACT AGAAAATATG  
28901 CAATTTCTTA TTCTTTTAA GCAGATTTAT TTATTGTACA TGTTCAGTCT  
28951 TTGAAATAGG CCAATTTTAT TTATGTTATG TTATGTTATT TATTTGTTTT  
29001 GAAATGGAGC CTCACTCTGT CGCTCAGGCT GGAGGGCAGT GGTGCCATCT  
29051 CAGCTCATTG CGTCCTCTGC TACCCGAGTT CAAGCAATTC TCATGCCTCA  
29101 GCCACCTGAG TAGCTGGGGT TATAGGAGCG GACCACCATG CTGGGCTAAT  
29151 TTTTGTATTT TTTGTAGAGA TGACGTTTCA CCATGTTGGC CAGGCTGGTC  
29201 TCGAACTCCT GACTTCAAGC GATCTACCTT CCTTGGCCTC CCAAAGTGTG  
29251 GGGATTACAG GTGTGAGCCG TGGCACCAGC CTGAAATAGG CCAATTTTTA  
29301 AAATGGGAGT ATTCCTACAT TAAAATGGCC AAATAAAGAC TTTTCTAAA  
29351 ATAACTTTA AACTAATTTT GGATAAATAT GTTTGCCTT TGAGCCTTAA  
29401 TAAAATGCAT TAATGAATAT TAAGCTGTAA AAAGTACATG TTAATACAT  
29451 AGCTATAGTG TATAATATTA ATATTAATTA GTGCCTTCCA GTAAATTACT  
29501 AGATTAAAAT AAATTTTAAAT ATAAGACACT GAGCTTTTTG TTTTCTTGAC  
29551 AATAGAACTG CAAGCAATAG CAAATTGCTC TAATCCTTTC ACGTACATTT  
29601 AAGAAAGTTT ATGACCTATT GAAGAGAAAA GTAGATCTAG TGGGTGATAC  
29651 TGGCTTCATT ATGGTTAATT AATTGATCAG TAGAATGTCA GAAATGCTAA  
29701 GAAAACCAA GAACTACACC AGAGAGAAAA TGTGTTAATG TAAATTTTAA  
29751 GGCAAGTTAA TTAGCGATAT ATAATAAGA TGTATATAAG TTCATGATTT  
29801 ACCTGTTTGT CTACAATTTT AGATGATTTT TTGATACTCA TATTTAAATC  
29851 GGTAGCTTTT CCTATAGATT TTAATTTTGT TTTAAATTCC TCTTCGTTAA  
29901 ATTAAATAAA ATAATAAAAT AACTTTTTTA ACAGTTTCTT CTTCTGCAGC  
29951 TGCTCTAGGT CATTGGTGGC CATTGAGCCA TAACTAGTCT ATATTTGTTT  
30001 TGGGTTTTGT TTCATGTGTC TGAATCAACT AAATTTTTAA ATAATTTGTA  
30051 GTAACCAACT TTGCAAATTC TGGGTTTGTG TTTAAATGTC AGATCTGGCA  
30101 ACGCTGCCTT GACATTTCTG CCTAGAACT ATTGGCTCTA GGCAGTCAGT

Fig. 2 (Forts. 16)

22/77

30151 GTCTGTCTGC TTCAGACTGT TGA CTGAAAT CCCCATTCGT TTTCATGCCC  
30201 TATCTGGCCC TTGCTGGCAT ATGAGTTTGC AACCTTTGGT GATTTGCAGA  
30251 AATTGTCTAT GTTAGAAAAT CATTAATATC TAGATTCAA CATATTTCTA  
30301 AATAAAGCTT TAAATTATTA TGGTAACTTT AAATGTATTT ATTCTAATTT  
30351 TTTTCATTAA ATTGCTCTTC ATCATATAAA TATATAATTT TTATACAACT  
30401 GGATGAGTTT GGCAGAAGAA TACCAACTTT TCATATTCTT TGTGGCATT  
30451 AAGTTTAACT TGTACACATG GAAATAAATA ATCCTTAAAA TGACTTATGA  
30501 CCACATAAAT GCCTTAGCAC ATGTGGTTCA TATTTGGAGA TTTCTCATAT  
30551 TTGTTCAATA TAATTTATTT TGTGTTGTTA TCCACAGTAC TTAAGAAAAC  
30601 TTCTATAGTC AACATATATA CTGTAAGTGG CCTCTACACA GTATAAGCAA  
30651 TTACCTTACA TGGCTATTAC CGATAAAGTT AAAGTTGTAT AAAGCCTTTG  
30701 GATGCTTTTG ATTTCACTGC TAAATAATGG AGTACACATA GAAGAAAACA  
30751 TTTTAGCTTT GGTGTTGAGTG ATCAAATTTT AGGTCAGCCT TTTTACATTC  
30801 ATGTTATATC ATCCCCATTA TCGGTATCCT GTGTATTTAA TTTTGATCAT  
30851 TTGATGTCCT AAAGGAAGAA AGCTATAATT CTGCAATTTT AATTAATTTT  
30901 AACTTTTGCT TATCCACATG CCAGAGATTA TAAAAGAAAT CCCTAAACTT  
30951 GTCCCACTTA GTTGTGATA TCCTCTTCCT GTATTTTTAG AGAGGCCATT  
31001 TCTTATTTTC TCTAGACATA GCTTTTCATT CCTTCTTGTT ACCAATTGTG  
31051 AATTCCTTAA AATAGAGATG ATAAAATTTA TAGCCTTTTA AATACCTAAT  
31101 TTATGATTTT TAAAAGATGG TATAGCTTAA TTTTATTAAA ATATTCAAAT  
31151 AAATGATACT AGAATCAATT AAGTTTAAAG CAAACATTCA TATATCTTTC  
31201 TTCACATGTG TAAATGGGAA ATAAACATGC CTTTTTATTA AAAATAATTT  
31251 GAAGACAAAA GATAAGTATT AAACAACGTT TTATACCATC TCTGTCAATT  
31301 GGAAGTTGTC ACTCTAACTT AGCCAGAGCA GATCTATCTC ATTTTGCATG  
31351 TGATATCATA GCAAAAGTCT AATCAGTTGC ATAGGGAAGG AAAAATAAG  
31401 ATAGTATTTA ATCAATAGGA TTCAGAGGAA AATTATGCTA ATGTGATTTA  
31451 ATCTATTTTC TAGTAATCCT ATCACTAAAC TGTCATTGAA TTGTACTGCA  
31501 TTAGAAAGGA ACTCAAATAT GTGTGACGGC AATGGACATC TTGTCACCTT  
31551 TAGTTGGCCT TTTTCAATGA GTTAAGCATT ATATGTGTGT TACCAAAAAA  
31601 TTATTTTTTTA TAGTTCAGAG AACCATTTTT GTTGGATGTG TAATTTGGAA  
31651 GTTTTGTGTTA CATTATGTCC TTAGGGGTTT TCTTTGTTTT AACAGCATGC  
31701 AGCTTGACAG AAATACACTA CCCAAAAGG GACTAAGGTA TATATTCCTC  
31751 TCAGCACAAT TGCTACCTCT CTGTTGTTAT GTAACTTTG TGTGCTGTCT  
31801 CTCTTCCTTC TTTGTTTGTT TGCAATGTAG CACATGACAT TGAGGACGAA  
31851 ATCACTTTTA ATTTTGATGG TTTCTCTGGC CCGAACAGTT GGTGAGATAG

Fig. 2 (Forts. 17)

23/77

31901 CCCCTTAGGT AGAGATACTA GTAGAGATTG AGGCTGTCTC TCAAATTAAA  
 31951 TAAATTCCAA TGTGAATATC ACTATTTTGA AGAAATAATA CTAAACAAAC  
 32001 AAACAAACAA AACAAAAACA AACAAACAAA AACTTTGTCC CAGGCATTAC  
 32051 TTTTTTGGGG GCAGCAACTT TGGTAGAATG CAGAACTCAC TTCAACAAAT  
 32101 TAAAATAAAA TTAACCTCTC TAACTTTTGC CTATTAGAGT CATATGCATG  
 32151 CAAATATTCA AAACCCATGC AGTCTACAGA TGTGGGCAGT TAATGTTGAT  
 32201 AGGTTGAAGG ATGCTACAAT CTGAATCAAA GAAAACATAT TTTCATCATC  
 32251 ACAGGACAAA TGCTGTAATT AAGGTGTGAT TTTTATAGAA TCCTTTTGAT  
 32301 AAAATCTCAA AATTGTTTTA ATTTCTATTT TGCAGGGGTA CTGCTATCAG  
 32351 ATCAATTTAA ATCTGAATTA ATCTAATATC ATTTAATAAT CTCAAATAA  
 32401 TTATTCCATC CATAATAAAA AATAAAATAA AAATTTAACT TATGGCCATC  
 32451 TTTTACTGTG TACTTTTATC TGAGGAAGAG ATAGAATGAT CTACTAATAG  
 32501 AGGTATAACA CTGTATGTGT ATGAAAAGTT GGCTAATTTT GGTGCTAAGA  
 32551 ATTTACTTAC AAAAAGAAAA AGAATATACT TAGTTTGGTG AAACACTGAA  
 32601 TAATGGCGAA ACTAGGTCTT TCTCCATTAT TTTTTTCTC TCCAATTTTT  
 32651 CAGCAATAGC AAATAGCTGG CAATTATTCC ATGTTAATAT TTTGATCCAG  
 32701 AAATTTATGT TCCAGTAAAG CGAGCACATC TCCCTCCTTA TTTTGTAAAT  
 32751 CTAGGCATGA TGTCAGGTGG CAGTTTAACA AAAGAACTGT TTTTCCTTTA  
 32801 AAAAAAATAA AAAAAACAAA GCTGCCAATA TGTATTCCAT TTCCCTATGC  
 32851 CTTCTGTGAC CATCCTTCAT TTCCCTTGGC CCTGGCCCAC CACTGTCTCTC  
 32901 CATTTGTAGT CCATGTTTTT ACCCTCTTTA CATCCTTTCT TGCCCTGTGC  
 32951 TTTTGAGTTC TCAATTAACT TGGCTGTCTG CTCATTGCTT ATGATTCCA  
 33001 ACTGCATATC TGATAGAAGC ATAATTTTCT CCTCAAACC CTTTATCTTA  
 33051 TTTTTTTTCC CTATGTGATT CAAACAGATG GCGTAAGATC ATCTGGAAGA  
 33101 ACTGAGCAAT TATAATTAGA TTCAATCTGT TTGAAATTGT TCATTCTGAA  
 33151 TAGTAACCTC CTCTGAATTG TTTTCCTGTC CTGGCATTGC CTGCCCCTTG  
 33201 TAGATGTGCT TAAGTGTCAT AGCTGTGCTG TTTTGCAGAT ATACCCCATC  
 33251 ATCTCGGCAG GCCAACCAAG AAGAGGGCAA AGAGTGSTTG CGTTCTCATT  
 33301 CTACTGGAGG GCTTCAGGAC ACTGGCAACC AGTCACCTCT GGTTTCCCCT  
 33351 TCTGCCATGT CATCTTCTGC AGCTGGAAAA TACCACTTTT CTAAGTTGGG  
 33401 TAAAATATTC TAAAATATTG ATTTTGTITT GTTCTTTCA CCACCCACTC  
 33451 TCACAGAAAC CCTGGAATCT CTCCATAACA CAACAGTTT TCATTTAAG  
 33501 GGAGGGATAA AAGCACTTTA ACAGTACCTT TCATTGTGT CATGTTTAC  
 33551 TCTTCACAGA AAAATCTCCA AACATTATGC TATTTATTGC TCATGACAAA  
 33601 TGCTTAACAT AGATTAATAC TGTGGTTGTT TTCTAGTCTA GGCTCCAGAG  
 33651 GCTCAGAAAG TTCCTTGAC TTGAAAAGT CTTACCATTA CTAAGGGTTC

Fig. 2 (Forts. 18)

24/77

33701 AAGGCAGTAA CCAGTTCAGA ACATCTGACT TTAATCCCAG GGGCCTTTCC  
33751 ATTCCATTTA AGAATCCTCT TAAAAAACAG GAAGGCATCT CCTTATTTAT  
33801 TTGTCTGAAA TATTAAAACA TCCTTAAAC AAAATTAGTA ATCTTTTGTA  
33851 GAAAATAGAA ACAATTAGGA AGAAAAAAT ATGTAATTCC ATGACTCAAA  
33901 GTTAACCTCT TTTAACAACG TTAAGTTAA AACTCCTTAA AATTCATACA  
33951 AGAATTTCTG TTAAGACAAT ACTCTGAACA TTTTCAAATA GATACAATGA  
34001 AAAATAAATT ACCAACTTAG TCATTGGGTT ACTTTGTATT TAACATCATT  
34051 TGTATGAAAT ATAAATCAT TTGCATAAAA TTTCATTAAA AGCACTCTGA  
34101 GTAACAAAAT AATTAAAGAA AACTAAACAT GCCAGATACC ATTTAATAGA  
34151 TTCAATGACT TTAAAAATAT ATTTATTTTC TATAAAGTCA CATATAAAGT  
34201 ATTTTCATTA TTTTATAGGT AAATATTTTT ATTATTAGTT TATCAGAAAA  
34251 ACTTGTACAT AAAGATGAGT ATTGATACAT AATCTTATTA GAGCCAGAGA  
34301 CGATCATTCG TTCTAGAAAA ACACATCTCT GAATTTAGGA CGGAGGACAA  
34351 TGAAACAAGA AATTTCACTT TATAATTTAC CTTTGTCAA CTATCCCAGA  
34401 GCACATCAAT TCCATCATGA AAGTACTCTT TTGACATTAT ATAAAAAATT  
34451 AGTAATAGAA AACACACAAT CAAAACCTT ATATTTTCTA AACTTCAAGT  
34501 TAATCATCAA CTTCTCTTAG ATTTTGAAG ACCTGAAAAT AAACATAATT  
34551 TCAAATAACA GAACTCAAAC ACCATATACA TTTGTAATGA GGCACAACAG  
34601 TCAATTTTGA GCCTTGTATT TTCCAGGTTT TAGCTGAATA ATCTTCACTG  
34651 CTTTCTTAGC TTTTGGCCAG TCTAGTTTGG GGACTATTTT GCCTTACTGG  
34701 GCCTAAACAG AGTGTAATAT TAAATATGT TAATAAGCCA TACTGAGAAT  
34751 AAGATAAATG CAGGTTTCTA ACTCCTTAGG GACACAAGTG GGGACAACAC  
34801 ATTCCATGAA CACAGGTGAA TGAATGCCCC TAGTTTCTCT GAGTTGGACA  
34851 ATTTTCATGCG ATCATTTTTT TCTCTGAGGC CAAAGTCTCT GGTTCGATCT  
34901 TCCTAGCAGC TTCCAGAACA GAAAGTGAGT TTAATTTGTC TCCATATTCT  
34951 TTTTCTCCAT GCTCGGGAAT CCCCTGCTTT CCTGATCCCA CCACAAAAAC  
35001 TCCCCTGAGG ATGAAGCCTT GGCTTTCCAG GCTTCCAGGG AAGCCTCGAT  
35051 TCCTGGCTGG AGGTAGTTGT ACCACACTCC CAGAGGSCTA AATCCCATAA  
35101 ACATCATCTT CTGCTTTTGT AGATCATAGA ACTTTTTATT ATCATCCAGG  
35151 AAGATTTCTC TTTTGAAACA AGGCTGGAAA AACTTTATGT CAGTCCTGAC  
35201 CTGCTCTTTA ATGACTGCGT AGAGGGAGAT GCCCAGCTTA TCCAACCTGG  
35251 GTTGCAGAGA GGACAGATCT GCAGCCCTC TTGCCAGAGA AAACATCCTG  
35301 GCACAGCCAC AATCACAACCT CCATCTTCT CCGATAGCT CCTTTGCTTT  
35351 GAAACTCATT GGTTACTTCT CCAGTGTCTT CAGGTCTATA TTCTCCAGGT  
35401 ACTCCAGCAC CTCTTTCCAG GGCTTGGACA AAAATACATC TGTGTTGGCC

Fig. 2 (Forts. 19)

25/77

35451 AGCATCAGTG CCAAGGCAGC AGCCTCCAAG GGCTCCTGCA CCCATGGACC  
 35501 ACATCCACAC AGAGAAGCAC CTTGGGTCCT CAAGTGCCTC CCTCTTCTTC  
 35551 CCTTCTCCCA AACCTGAAGC CCAGACACTA AGGGGTCAAA CCCTCCTGGG  
 35601 CCCTGAGGGT TCCAAGGGCC TCATTACTTT TTCTTTTTTT CACTGGAAAA  
 35651 AAAATTCTAA TCATGCACCT ACAGAAGATT GACATTTTTC AGTAAGTTGG  
 35701 ACTTTCCAGC TTTCAGCCAG GACAAGACTC AAGGCTATGT CTTTCTATT  
 35751 GCAACCCCTC CCACTATATT GAGTAGGGCT TTTAGCAATT GAAAACAATT  
 35801 ATTTTGGTCA TGGTTTCATA TAAGCTAATG ATTTTCATATC AAACACCAAG  
 35851 TTTTGTGTTT CTAACCTATA TAGTGATAAG AGAATTTACC TATAATGCCA  
 35901 AAGAATGTAT AGCTTTTATT TGCTTTAAGA TGCAGTTGAT TTTTAAAAA  
 35951 AGCGAAAAGC CTAACACTTT AACTTCAAAA AATGAATTTA AAATGTTTGT  
 36001 GTAGGTCATA GGAATATGAA AAAATTTTAT ACAACATCTA AAACACACCC  
 36051 AAATCACCTA AAGTGCTATA AGCTTGCTAA GTACTTCATG TCTCCTATCA  
 36101 ATTCTTTTAT TAATTGACGT TAATTTGATT AGTTGACTCC TTCTCTATT  
 36151 TTTCTCACC ATTATTATTC TGATTAAATC CACCTTCATT ATTCCTTAGG  
 36201 AACAAAAAGA CTCACCACTT AACTATGTCT GACATTGGTG AAGTCGTTTA  
 36251 AACTTAATTT TCTTATCTCT TGAATGGATA CATAATACCT AGGTTATATT  
 36301 GTAAAGAATG ACGGATATAG TGTATGTAAA GATGGAGAAG TGTGTAAGAC  
 36351 TTGACAGATT CTGCCAAATC ATTATTTTCA CTGGAAAGCA TGTCTTACAC  
 36401 GATCATAGAG TAGCATTCAT CAGATATGCC TGAGCTTTGT CTACATTTAA  
 36451 TTGAGTAGTA ATTCGCAACA CAGTAACCAC AGGATTTTAT GTAAAGACA  
 36501 TTCACAGATT GTGTTTTTGA AAGATTGTAT TTTTGAAGTA CAAAATATG  
 36551 ACATTGTTAT CAAGGACTCA TTTACCACAA ATATCAAATA TTTGTGCAAA  
 36601 GATAAGTTTA TGCTAAGATT TGCATAAATT AAAGTTAACA TGGCAACTGA  
 36651 AGCTAACATG TCCATGGTCA CAATGTGTTA AAAAATGAAT GGTCTGTAG  
 36701 CACACTTGGG AATGTATTTT ATTACATAGT TTTAGAGTT AAAACACAAT  
 36751 TAATAAATGA AATGTGAATT ATACTTTTAC TGACAACAAA GCTCTCTGTA  
 36801 GAGCTTTAAT GTTCTAATGA ATTAGAAAAC CACTGATCAA ATACATCCCT  
 36851 TACATTTTAT TGCTATAGAA ACCAAGTCTG AAAGGTTAAG TTTACCTTTC  
 36901 TAGGATGTGG GTTTCCCCC TTAATCTATT GTGGTTTATA TCAGAGATCT  
 36951 CTCAGCTGTG TCAGACAGGC CATGACTTAA GTGACACTGC CCTCTTGATT  
 37001 CTCTTCATAC TTTTCCAAC ACAATTCTTT CTCCTGGGGT TGCTCATCTT  
 37051 AACATAGCTG TATCATTTAT TGTAGACACA AGGTCACTTT TGAGAGTGAA  
 37101 TGGGACTATA TTAATAATTG TTCCAGGTAT TAGGTGCAAA CCCTGGGCAA  
 37151 TGCAATTCAT CCTCCATCTC CTCCTTATAT TTATGTGTTT ACCAAGTTGT  
 37201 TTTTCCTGTA GACTTTTTTT TATCCTAAAC CCTTTTCTA TGTTCATCATT

Fig. 2 (Forts. 20)

37251 CACAACCTTA ATTCTAATCT CTCAAATCAA CATTTCACTT TCTGTCTGAG  
 37301 ACCTTTTTTCA GCTCTAAAC TAAAATCCCA TCAGTGTGCT AGACCATATA  
 37351 GCCACCTGAA ATCAAAGTCT TTTCTTAAGT TCTTTTCTTC TATTTGTCTT  
 37401 ATAATTTTCAT GTATCATCCT TCTCTCTACT CTAGCACAAA ATCTGTGTAA  
 37451 TCAATAGTCT TACTTGAAAC TGTGCTCTTC ATATTGTACA TTTTCAATAG  
 37501 ACAGGAACCT GTGATTTTAT CTTCAGAATA TCTCCTACAT CTGTCTCTCA  
 37551 TTTTCAGGGA CATTGTCCTT GCTGAAGCTT TTTTAACTAT AGACAATTGC  
 37601 AGCAGATTTT AAAGTATCT TACTCTGTCT ACTCCCTTAT GTTTCAACAT  
 37651 TTTCACCCAT TGGAAGGTAT AAAAGAAGAT ATTCCTGTCC GTGTCAACAT  
 37701 AATCTCATGT ACCTCTCCAG ATCTTAGAAA CACGTATGGC TTCAAATCAG  
 37751 GCATTTGGAG ATCTTTATGC TGTATGGTTT CAGAGTGGAA AAAATGATTG  
 37801 ATTCAAAAAC ATAATATTTA AAGAGTTTTT ATTGTATTTA CAGTTCACCT  
 37851 GAACCTCTGT TCATTGGGCA AGAAAATGAG TACTCTTAAA ATGCAATAAT  
 37901 AAATTAAAGT TACTTTATTA TTAAATTTTA AATATATATA TATATACTTA  
 37951 CCTTAAATAT GTCCTCTTGT TGTCTTTTAG CATCACCCAT TTTTGATTG  
 38001 ACCATTATCT TTTCTGAATA ATCAGTAAGA TACAGGATTA TTATTAATGT  
 38051 TCAAAAGTTG CAGTATTCAT GTTTTCTTTA TTCTTTCTAC CAATTAAAA  
 38101 GTGTTAATAT ATAAAATTTT TAGAAATTTT ACTATAAAAA ATCACAACAT  
 38151 ATATTAGAAA ATTAAGATCA CTACAATATG TCATATTTAG TAGACTACTG  
 38201 TGAGCTACTG CCACAGTAAA CTATGGTTCG TGTGTCGTTT CCAGCATGCT  
 38251 AGCCCTAGTA GAAACCATTC CCATTCAAGA AAGACTAACA AAGTATAGCT  
 38301 TACATAAATC AAAAAGTCTT TGGATGAAAC TTCATTTGGG AAAATAACCC  
 38351 AATCGCTACC CTTCAATTTT TTATGAATGA AAAAATGGAA GAATAAAGGC  
 38401 CTCTAAGATC CATTCAAAGC CAGGAGACAC ACAAGAATTT CTAAATAGAA  
 38451 GAGAAACAGA AGAGGTCATA GTTCTTGTGA GCCATCTCAT AACCTGGTGA  
 38501 GACTCATTGT CATGCCTCCA TGCATGATAA CAATCGCTCA GATTCATTTT  
 38551 TCATCTTGCC ACAAGGGTTA CATGCAGGAA CATTAAATGTC AACCTGTCAC  
 38601 TTCTAATATC CATCTAATAT TCTCTAAATT CGATGGATCC TTTTGCATAT  
 38651 GGTGATTGTT AAACACCTTT GCATAGGAAC AGTTTCTATG CTTTGTACT  
 38701 CAAATCTTCC TCTACCTTGA ATCCTTTCCC ATCTTCGTGT TCAACCTTCA  
 38751 ATCTTCTCAG AATGAACCTC TGTCTTCTAT TCTTTCGGAA GCATAGAATC  
 38801 TCACGGTCAG AAGAGACCAC ATCTGGTTCA ACCCTTCATC TCTTATGTAA  
 38851 AATTTTATGA CATCTCTAGC TTCTTCTTTA AACCCACCAA TGACAGAAAC  
 38901 TACTAAAATC TAGAAATAAC ACCTTTGAAA TTCTTTCTTT AAGAGATCAA  
 38951 ATAAAATTTT CCTGAATCTT CACCTATTGT TCCTAGTTAT ATATATCCAG



27/77

39001 ATTCTACAAA ATAAGTCAAA GTTAGATTGC ATATGACAGC TCTTCATATT  
39051 TAAAAACAATA TAATAAACTC ACTAGTTAAT GTCTAGCTGT AGATGCAAAA  
39101 GTAGAGAGTG ACTTGGGGTT ATTTAAAAAC CCAGTCCAGC CAGACACATT  
39151 GGATCATGCC TGTAATACCA GCAGCACTCA GGAGGCTGGG GCAAGAGGAT  
39201 CCCTTGTCCA GGAGTTACAG GCTACAGTGA GCTATGATCG TGGCACTGCA  
39251 TACTCCAGCC TGGGAAGACAG AGTGAGACCC TGTCTCACAA TAATAGTATT  
39301 TAATAATATC ATAAAAACCC AGTCCACATT TATATAGGAT CCTGTTTTCC  
39351 TCAAGTTACT ACAAATAAAT ATATAATCTT AATAAAAGGT TAGTGGCTTT  
39401 GCCAAGATAG TGGCTTGGCT ATGCAAATGC AATTTAAGAC AAAGTTGGTA  
39451 GCCCTCTTTT TCCTAATACA TTGCCATATC TGTTCCTCTT CTATTTGGAA  
39501 ATTCTTGTGT GTCTCTTGGC TTCGAATGGA TCTTATAGTC CTTTATTCT  
39551 TCCATTTTTT AGTCATAAAA AACTGAAGG GTAGTGATTG GGTATTTTGC  
39601 CCAAAGCAGA TGGAAAGCAA AACTACCACT AGAAGCTCTT TACCAATTTG  
39651 TGTTCCATTC AAAAAATTAT CTTTGTATGT CTTACATTG TCTTCTACTG  
39701 TATAGTTTTT CTTGTCTAT TTTACATATT AACTTTTCTC CTTCTTCAGA  
39751 CATCTGCCCT ACTGGCTACT CTTGAAATCA GAGACTGTGT CATATTTTTC  
39801 CTTCTATTCA ACTACAACAT CTAAAAGCAG ATCTGTCATA GTTATTAAC  
39851 TAATTGAACA CTCTTAAATA GTTAGGTGTA ATTTCCAATG CAGAAGCTAT  
39901 CAAAAGGGTT TGTAATGCA AACTATTCCC TTTAAAATCT ATCCTAATCC  
39951 TCATTAATGT TTCATCTTGA TAGAGCTAAG TATTATGTAT TGAAATTGTA  
40001 GAAGTACACT TCACTTGGAT ATCTCTGCAA TCATTTAGGT AAGAATTATA  
40051 CAAAGCCAAA AAGCAAATAA AATATCCTCC TAACCCTATA GATACGTATA  
40101 CTAAAATGAT GCACTTGCAA ATTTGTTTAA TACTTCATTA ATTTAAACAA  
40151 GAGTAAATTC ATACTGTGAA CCAAGAATAG GGTGACTTAC CCCAATCTTG  
40201 CCACCTTAAA CATAAACATT TTAAGTCTC AATGTCCTAC AGTGACCTA  
40251 CTGGCTGTTG TCACTAATCA GACCGAAATG GTACTAATGG TCACTGCAGG  
40301 CTGAAGGAAT ATGCTTGAAA GATAGGCAGA TCCTCTCCCT CTCCCTTTTT  
40351 TACTTTTTTC GCCTTTCCAT CCTTCTTCT TTTTTTCAA TAGATTGTGC  
40401 ACTTTGGAGA TTCATATTTT CTTCTTTTC CATTACATT TAAATATGTG  
40451 ATTCTTAGTC CTATGCTTCC TTTTACTCCA ATCAATAACT GGCTCTATCA  
40501 GAGGGTTGTT CTGTGTGTTA ATTCGGTTAA TACCAGGATT ATCAAGCACA  
40551 GTGCCTTCCA AATGTGAGAT ACTTCTCTCC GGTACCTCT GGGTTTACTT  
40601 TTCTGTGTTT ACATTGTTTT GAGAGCCAGT ACTTGTATTA AGAAGAAGTT  
40651 TAGTGCCTGT GTCACAGAAA AAATCTTAGT AAATTTTGAA GTGATGTCAG  
40701 AACAACTCTA AGCCACTGAC GGATTCCACA GGGTTTGAA AATACTCGTT  
40751 AGTCCCTTT ATATCTTAAG AGGCTCCTGC CTGCTTCTC ATATACCACT

Fig. 2 (Forts. 22)

40801 AACAACTTG CTTTTCTTAA ATATGAGCAT TTAGAATATC TTTCTCAATT  
 40851 TTTCTGTTTT GCTTTTATTC CAAATTTTAC AACTATATTG TTTTCCAATG  
 40901 TAGTTGTACA TACAATCAAC CAAATCTTTC CTTAAATTGA TGACTACCAG  
 40951 GTGAGGACTC TTTGGCAATA AGCAATAAGA AAATAAATTG TTATTAAAAA  
 41001 TTACAGACTT AAGATACTTC TTTGGAAATA TAACATGTTT GTGACTTTTG  
 41051 ACCATCTCAT CATGATATGC TCATCTTAAA CAGAGTAGAA AATCATTTCA  
 41101 TATAATTAAC TTTATGGTGG GCTGCAGATA CCATGTATGT TACATTGTGT  
 41151 TTAGTTATAA AAATGTTTAT TATACACTAT TTCCTTATAA TCTAACTTTG  
 41201 ATAATAATGA TGGTCCTAAT CATGAACTTA CATCAATTAA GAGCTTGAAG  
 41251 TGACTGAGAG TATTTGCCTG GAAGCATTTA AAGCCCTTCT TGGGAAATTT  
 41301 AGATGTTTTA TATTTTACTT TCTTTTTGAT TTTGCTTTTT CCATTAAAGT  
 41351 GATTACTATT TTTAAAGAGA AAACCGAAAA CTCTAGAAAG ACCATCTTTT  
 41401 CTTCATAACA GGTAGCAGAA AACACCATGT TATTACATTT CTAGCAAGAG  
 41451 CAGTAGAGGT GACTTGTTGG TTTTGTGTAC TGTGCTTTA GAAATTGATG  
 41501 TAAGGCTTCC CATAAACGTG CCAGAGGAAA AGAGGGACGC AATGGGATCT  
 41551 GTTATTGAAC ATTTTCAGAG CAGACTCTTA CCTTAAATAG GGACTCACTA  
 41601 TACATTCATG TTTTCATAAG TATTGGGATC ATGTTCTTAC TTTCTATCAA  
 41651 CCTGCTATTT TCATCTTTCA AGCTTAAGAG TAATAGGCTC TGTGTGTTTT  
 41701 GTTTTTCACT GAGCCCAACA AATTGTCTC AATTAAACCT TCCCGGGCCC  
 41751 AGCATGATGC GCTCAAACAG CATCCCAGCC CAAGACTCTT CCTTCGATCT  
 41801 CTATGATGAC TCCCAGCTTT GTGGGAGTGC CACTTCTCTG GAGGAAAGAC  
 41851 CTCGTGCCAT CAGTCATTCG GGCTCATTCA GAGACAGCAT GGAAGAAGGT  
 41901 AAGCGTTGAG GGGGATTAAA GATGAAGTCA CTTTATTTAA ACCCTGAGAG  
 41951 GGAAACCATC GTGTCACTCA CATCACAAAG ATTCCTGAAG AGGAAAATAA  
 42001 ACTAGTGTA TTATCATTTG GGAAACTAGA AGCTTGAAGA AGTTTTATTC  
 42051 TGTATTATCT TCTATTTCTT TATGTATTTG GAAATATGCC AGAATTTGTT  
 42101 TATATTAATA CTTGGCTGTA GAAGAGTTTA GACTAAATCT ACTTTTCCAA  
 42151 TACAGAAATA TACATATAAA CTATTTTCCC AGGTGCATCA AATATCAGAG  
 42201 CAAATGTTTT GTTTGACATT TTGGTTAAAG AGCCATAAAG ACACACAAAC  
 42251 CAGAAACATT ATTTTATGAA AATACCACAT GTTGCTGACT TTTATTCCCA  
 42301 GGAATTCOCT CTGGTGCTAA TTTTTTATTA TATCATTTTA GAATTCATAT  
 42351 TGTACCTACT TTTTGTCTTT ATAAGTCACT ATTTCTTCAT CCAATGGCAA  
 42401 TAAAAATTGTC ACCTAACCTA ATAAATATCT TTATAGTTAT ATAGTTCTAT  
 42451 GTAAATACTC CAAATAAATC AGCTTGAAAA CCTCAGGAAG CTGAGTTGAT  
 42501 GCTCAAATAT ATATATTTTT GTAAACTGTA GAAGCTCAAA TGTCAAATTT

29/77

42551 AACATAATT TGAGAGACTT TTCTCTTTGA TTTAATGAAT TTTTTTAGTA  
42601 TCCATAAAGA AAACCTACAG CATACATATT ATAAAGCATG TCAGCTAAGG  
42651 ATAAAATAAA ACTAGACATA CAAATTCAAA CTGATTAGAA TGAAATTATT  
42701 AACCCTAATA ATTATGTTTA AAAGAAAAGT CTCCAAATCT TGAGACATAC  
42751 CAGAGTTTAA GTCTTCAGCC ATCCATTTAC TTGTGGTATA AACTTAGGCA  
42801 AGTTTCTTAA CCTTCTTATC CCTAAGTTCT GCATCTGTAA CTTCTTAGGT  
42851 TTGTCACAAG GATGAAATAT GAGAACAAAG AATAATTCTG TTCCATGATC  
42901 TTTTCCCTTC CTACCTTCTT ATTTAAAGTA TCTTCTGACT GAGGGGTTAG  
42951 GCAGCAATGA AAATTGACTC ATGTTTTTCA GGTCACCACT ATGGATTCAA  
43001 TATACTGGCA TTAAATCAGT AGAGAATAGT TGTCATTGCC TTTTGCAATA  
43051 TTAACCAAAC CACTCAGTTC ACTGTGACAG ACAGTGAATT ATATCCAATG  
43101 ACTCCACTGA TTTTTTCCAT GTAGATAGAC AAAATATAAC TACTCTCAAA  
43151 TGTAAGGACC CTGCTTTCTG AAATGGTTCT GTTGCTCTCT TCACAGATAG  
43201 GCTTCTTATA ATACTTTTAA AATAATTTGC TAAGCATACA GATGGCTTTC  
43251 TAGAGTGTGG CATTGACAAA TAAAGTGATT TTTATATACT GGGAAATTCT  
43301 GGCCTTCAAT GTATCAGGAT TAAATAATCT GAATTTCTGA AAGCTAGCCT  
43351 AAGTGGGCAA GATGGCTTTT TTGTGCTCAC GCATTGAATA CTGAACTATT  
43401 CTAGTTCTTA AATGGCGATC TAGATTCAAG ACTTATTGAA CTAGATTGAA  
43451 GGGACTTTAT TGATATCCTA CCTAATGCTC ACACTGACAG ATGAAGAGAC  
43501 TGAGCCACAT GTTCTAAGGT CATAACAGA AAGAATGAGA ATGAGATGGT  
43551 CTAATTAATT GTCCACCTTT CCTATGGTAC ATCAGGGTAA CACTTTAGTT  
43601 TACGAGGGTA TTATTAGAGA TAGAAAGAAT TTTTTTTTAA ATAATTGACT  
43651 CAAATACCAA CATTTTGCAC ATTACATAGA GTAATAGCTT TGCCCAAGTT  
43701 AGAAAACCTGG GGGTTCTTCT TTATTCCTCT TTTGACCACA TCTATATACT  
43751 CAGTTTTTAA AAGGTTCTTC CTGGTATCCT TCAATCCAT CCCCATGTTT  
43801 TCATCTACAA GCCTAGTGCA GCTATTCCAG CCGTCTCCTG ATCAGGTCTT  
43851 AAGCACCTCC CATATGTCCT TGTAGTACCC ACCATATTGA TCTCAGTAGC  
43901 AATCACAGTA CTCTATTGTA AATATCTTTT AAATTATTAT CTTCTCTTTG  
43951 AGCTTTTGGG ATTTTATCTT ATTTATTTTT GTAGTCCAG GATCTAGCAA  
44001 CAGCTTGTC AATCGTTCAT ACTCAACTAA TGTTTGTTTA ATGCACAATG  
44051 AGCAGAAATA AACATACTAC TCCATAGTAA AAAGAGGATG AACTTTTCTG  
44101 CAAATATTAA TCAGCACCAT TTTATCCACC TTTTGGGTTT AGTACATTGG  
44151 AAGTATAGGA GTATAAGCA GAATGTCCAA TGTTTACAGT GATATTTTGA  
44201 AATAGATAAA AGCCAGTGCG ACATTTCCAT TCTCAATTTC TCTGAGACAT  
44251 CACCTTGAAA AAAAAAGTA TTTTCTCTT CCTAAAATTA GTAAAGGAAC  
44301 AGTAATTCCA CATTTATAAG AGTATGATCA ACGCATCACA GATAATGTTG

Fig. 2 (Forts. 24)

30/77

44351 TAATAACACA TTAGATAAAA GTGCTTATTT TCCTGAAATT ATATGGAGAA  
 44401 AAAAATCTGA AAGTGGACCT TTGTTGGATA CAAATGAAAT AAATAAGGTA  
 44451 CATACATTTT TTAAGGTTTCG AAAGTTTATG GCAACTTTAG TTTGGGTTTC  
 44501 CATGCTATTC TATTTATTAT ATGGGAATTT ACTGTAGCTT TCAACATGTA  
 44551 CGAAACAGGC TGGTAGGGCT CATGCTTGTA GGCTTCTGTC TAATAACTTG  
 44601 GCAACTGAGG TACTTTAGGG AGTATGGATG GGGCTCTTCC ATGTCTCAAC  
 44651 GTCTGACTG CCAAAAAATT ATAGCAGGCT GGTCTCAGA ATCTTATAGT  
 44701 TAGTTGTTAT TACTTAATTT CCCTAACCAC CCGTTCTTTA CTTTTTCTGT  
 44751 AAAGGCTGGA ATTTTTGAGT AGACCTTATT GTTTTAACTC TATTGTTCTG  
 44801 TTTGTTTTCT CCAGTTCATG GCTCTTCATT ATCACTGGTG TCCAGCACTT  
 44851 CTTCTCTTTA CTCTACAGTA AGTAATGGCT GTTAAGAAAA AGCTTGTGCT  
 44901 TTTGCCATGC ACACAGATGA TGAAATAGAT CATTTTACTG TGAACAGATC  
 44951 ACATTCATCT ATGACTTGCA CAGGAGTTGT GTAGCAAAAT AACGGCATAC  
 45001 TCTAAGCTGC CCAATACCCA ATAAAGTGCC AGGTGCTCCA CCTGCCATTC  
 45051 TTTGGTCACT TACATGTGCT TTCACTTGGC TTTTGTGCAC TCATCATAAT  
 45101 CAATGAGTGG ATGTAGAATT CGATTTTATA AAACCTACTG AGGTATGACT  
 45151 TGGAGTCTCT GAAACCATGT ATGTAGTCTG CTATACTATC ATTTTAGTAA  
 45201 TGACGAGTTG TCCATGTTTT GTTCTTTGAG CCGTGACTGT TAATTGTTCT  
 45251 ATAGTATTTT CTTCTCATTT TTTATTTTTA AGTTTATTGT TGAGAGGATT  
 45301 ATCGAAGGGT AAAAGCAGTA AGGGTAAAGG GTAAAAGCAT AAAAGAACCA  
 45351 GAGATGTTTT TTTTTAAATA TACCTTTTGA AAGAGTGTGA TTTTTTTAAC  
 45401 TTTTATTTTT ATTTTATTTT ATTTATTTAT TTATTTATTT TTGAGTCGAG  
 45451 GTCTTGCTTT GTCACCCAGG CTGGAGTACA ATGACACAAT CATAGCTCAC  
 45501 TGCAACCTTG AACTCCTGGG CTCAAGTTAT CCTTCTGCCT CAGCCTGTCA  
 45551 AGCAGCTAGG ACTACAGGCA CGCACCACCA TGCCCAGCTA ATTTTTAAAT  
 45601 TGTTTTAGAG ACAAGGTCAT TGCTATATTG ACCAGACTGA TCAATACCCA  
 45651 TGGCTTCAAG CAATTCCTCC TGCTTTAGCC TCCCCAAGTG CTGGGATTAC  
 45701 AGGTGTAAGC CAGCACACTT AGATAGAAAC TTTATTTATT AAGAGAAAAA  
 45751 TACCAGTGTT TCAAGTTCTT TTGCAAACGT GTGACATTAT AATTCATTTT  
 45801 TGACAAGGAG AGTTTTTCTG TTTGGTAAAT ACAATTCTAT CTTTTTTAAA  
 45851 AAAGTAGCCT ACAGGAAGTT ATATTTTATG AGTGAGTCTT TTTAGAGCTA  
 45901 GGTAAACAGT GAGGTATATT TAAAAGCAGC CTAAGAATC TCAATGGGAC  
 45951 TTGAGTACTA TGAATAAGCC TTAATCCTGT ACTGTAAGGT TCATGAAGAG  
 46001 TTCATAGCCT CTGCTGTAC TGATCAACTG AGCATCATGG GCAGTATTTT  
 46051 TTCACTCAT TATCATTAGG TTCAAATGTT TGTTTGAACC TTCTCTTTAT

Fig. 2 (Forts. 25)

31/77

46101 AGATTAATCT CATATATTTA CTGCCTTACA TAGTCATTCA AAATCTGACT  
46151 GTTATTGGCA GAAGTAATAT TTTTCTAATC TCTCCTTTCA ATGATTAAAA  
46201 TTACCCATAG CTTCTAGAAA TTAAGAAATC ACGATTAGTT TTTAGGTAAA  
46251 TGTACTTTTT GTGCAAATGG ATAAAGTGAG GAATGTGTAA ACACACATGA  
46301 AAAAAACACA TAAAAGAAAT ATATTAAGAC TTAGTGTTCC TCCTGTTGGG  
46351 CCAGCACTGC CATTTGTTGG GGAATTGTAT TCTGATTTAA ACCATTGCCA  
46401 TTTACATCTA TGTGTAACAT CAAAAGATGT AGCATCATTA TTATTCTAAA  
46451 TACATACAAT AATTAATATT TGGATAAAGC TACCTTCATG AAACCTAAGA  
46501 AAAACTAAAT TAAAAAGAAA GAAAGAAAGA AAAATACACT TAGATAGAAG  
46551 AAATAAGGTC TAGTGATTGG TAGCACAATA GAGTGACTAT AGTTAACAAT  
46601 AATTTATTGT ACATTTCAAA ATAGCTAGAA AAGAAGATTT GGAATGTTCC  
46651 TAACAGGAAG AAATGATATT CTTCTTAAAT GAAGAATGGG ATATTCCACT  
46701 TTCCAGATT TGATCGTTAC ACAGCATATG TTTGTATAAT ACCACATGCA  
46751 CCCCATAAAT ACATACAACCT ATTGTTGTATC CCAATATTAA AGATTTTTTT  
46801 GAAAAATTTA TTCCTCAAGA AAAGGATCAT GAGTTTAAGA AAAACAGAT  
46851 TACTAGTCTA CCAGTGTTCA GTAGACCTTT CTGTGTTAAT AAAAGTGTTT  
46901 TGTATCTACA CTATCTAATA TAGTAACTAT GAACCATATG TTGCCATTGA  
46951 TTATTTGAAG TATATCTGGC AAAGAGATGA ATTGACTTTT TTATTTTAAT  
47001 TAATTTACAT TGAAATAGCC ACATGTGCCT AGCAGCTACT AGATTGGATA  
47051 GTGCAAGTTT ATAGAGAACA CAAGGGGTAC ATTTGTAGAT AGGAGTGGGA  
47101 TGTCAAAATG ATGAGGATAA TTAGAAAGCA TACATGAGAA ATATTGTTTT  
47151 AAGAGTAGAA TATGAAATGG GAACACAGAT TAAAATAGAG TATGTATATA  
47201 TATACATATA TATGTGTATA TATATACATA TGTATGTGTA TATATATACA  
47251 TATATATGTG TGTGTGTATA TATATATATT TATAGGCCAA TATATGGAGG  
47301 TAGGGTATAT CCTAGTGTTA AGTGAGTAAA GAATGGATTA GGTGATCGAG  
47351 CCACATGAGA AGGTGATATT ATTAGAAAAT TGAAAGTTGT ATTTGAGATG  
47401 ATGAAAATGA TATATTTGAA TTGAAAAGTA AACTGTAGTA AAATAATTCA  
47451 AATAAATGAA TATTTGGGGA ACTACTTAAG AGAAAAATCA TAAAACATGA  
47501 GGAGTCATTC TTTCCCCAGT CCGCCATGAT CAGGCCTTAG GATTTAATTG  
47551 GCAATGAGAA AATACCTATG AAAATGCTTT TAAACTATC ACATGAAAAA  
47601 GCAATTTATT ATTTTTCATG CCTTCTTAAT AACTCTCAAT AGAGATTTAG  
47651 TTGATTTGCA TTTTTCCTG GTTCTATCAA GAAATTATCG CGTGACATCA  
47701 GGCAAGTTGC CAAATTTCTT TGGACTATAC CTATAAAATA AAATTTGAAA  
47751 ATATTAGCTA GATCTAACCC ATTTGTCTCC GGATGTCTGC AAAGTGTTG  
47801 GAAATCACAA GCCTAACCTG ATCTGCAGAG GTGTTACCTT TGGCAAACCT  
47851 ATGGTTTTTG TGTTTGTGTTT GAAATCTAAG GCCAAGCGCG GTGGCTCATG

Fig. 2 (Forts. 26)

32/77

47901 CCGGTAATCT CAACACTTTG GGAGGCTGAG GCGGGTGGAT CACTTGAGGT  
47951 CAGGAGTTCG AGACCAGCCT GGCCAACATG GCAAAACCCC GTCTCTACTA  
48001 AAAATACAGA AATTAGCCCC GTGTAGTGGC ATACGTCTGT AATCCCAGCT  
48051 ATTTGGGAGG CTGAGGCAGG AGAATCGCCT GAACCTGGGA GGCTGAGGCT  
48101 GCTGCAGTGA GCGCCACTGC ACTCCAGCCT GGGCGACAAA GCCAAACACT  
48151 GTCTCAGAAA AAAAAAAAAA AAAAGGAAAA GAGGGAGAGG GGAGGGAGAG  
48201 GGAGAGGGAA TCTAAGCCAA CACTGTGAAA TATTGTGAAA TATGGAGCTT  
48251 CTACCTAAAA ATTCAAAATT TTAAATTCCT TTTAAAAATA ATTGGAATAT  
48301 CTATGGAATA TCTAGCAATA CTAAGATGAA ATTCTCTGG GTTTTCAGTC  
48351 ACCTGTAATT GACACCTTTA GATGTTGGCA TGGGCTCTCA GGAAGCCACA  
48401 GCCTCCACCA ATGCTTTTCT TCCTGACACT GAAGCTAAAT TTGGGTGGCT  
48451 AGTTTTTCATT GTGCTGTTGC TTTCTCATG GGAAAGAAAT ACCCTTTGCT  
48501 ATTTATATTG CTGTCAAATG GGAAAATGAA AGACAGCCAA GGAAGATCAT  
48551 GTGACTATTT AAATACTTCA AGTCCATTTA TTCTTTATTA GCCTTGTCCT  
48601 GTTAGGCATT TAAATTTTTG ATCCCTGCAA TAGATGTTTT TTGATTAAC  
48651 GTATATTAAA AACTATATTT AACCTGTTTT GAATTTGAAT TCTAAATTGT  
48701 ATTTTTTCAT GAGAGCAAGT GTCATTTTTG ATTCATTGTG GATTGTTTAA  
48751 CATGTTGCCCT AACAAATAGC TAATACTAAC GTCATAACTT TTTAATTAGT  
48801 AAATTTGAAT GGATAAATGG CCACTTATTG GCTTATAGAA TAAATAAAAA  
48851 CATTTTTATT CAGTCAAGTG TTTCATATTT TTTATCATCT CCAGGACATT  
48901 GGGCTTGCTC AAAACCATTG TTAAAAAAA AATGGCAAAT AATCCAGTTC  
48951 CATCATGATA TCATTAATCC CAACCTAAG CTACTGAAAA AAATATATTA  
49001 ATATTCTGGC TCATTGCTTT ATTTTTATGG TAACACCCAC CTGGTATTAA  
49051 TAACCACAGA GTACGAAAGA AGGCAAAGGT TAAAGCAAAT AATAGTTTTG  
49101 AAAAATTGGT AGTGAAAAAA GTCATGCTAT ACGGTATGTA TATAATAGAT  
49151 ATTTAATGAT TATGCTTGCT ACTAGTATAT GTAACAGGAC TATTATAGAT  
49201 TAACAAAAAT GCGGTGAGTA TATTTCTTGA TTATTTTTTA AAAGAATAAA  
49251 TTATTATTTA AAAATACATG AATTATTTAT TGATTCTTGA ATCTTTACCA  
49301 GCTTTCTATA ATTCTAGGAA GCCTAGAAGC AGAATTGGGC AGGATAAACT  
49351 GGCAAAAAAT GTAAAAAGTA GGCCGGGCAC GGTGGGCTAC AGTGAGTCGT  
49401 GAATGCGCAG TGCACCTGAG TGATAGATCA AGATCCTGTC TCAAAAAAAA  
49451 AAAAAAAAAA AAAAGAAAGA AAGAAAGAAA AACAACAACA AAAACAAAAG  
49501 CAAAGTACTA GGGAAACTA ATAGACATAG TTACATAGTT AATTGTGCCA  
49551 TATGTTTTTAA GGCAATGAAA CTTTATCTT AATATTCCTT GCTTACTTTT  
49601 TATTCAAAAA CCAAACTGTG TATAAAACCT TAAAATTATT AGGATCTAAA

Fig. 2 (Forts. 27)

200000 62

33/77

49651 AAATAAAATC TTTCCTTAAA AATCTAAAAT TGAGATGTAA ATTATTCAAG  
 49701 AGTGCTTTTT AAAACAGTTT TCTTATAAAG GCTATTAGGA TTCTACCACT  
 49751 TAGCCACTTT ATTATTTAGC CACTATATTA CTAAGTTTAC ATATTTTTAA  
 49801 AGGTAGTGAA AATATAGGGA AGACAAAGCT CAGGTAAAA GAGTTTCTGG  
 49851 CAAATAAAAT ATATCCTGAT GGTTAGACTA CTTTGCTTTA TGTTTTCTGA  
 49901 AAGAAAAGCA GTAAAAACA GTTCAGGTAG TTTTGTGTCA ATTAATCTAG  
 49951 AACTATACCA AAAGTAGACA TAGAAAACGA GAGATTGTTT TTCAGCTTTG  
 50001 GATCTGCTTA TGGCAATAAG CAGACTTGTA CTATTCAACA ACATTATGCA  
 50051 TTCTTCAACT TTTCCAGAA TAAGGGAGCT TCCCAAATGC AATGGTGCAC  
 50101 ATAACCTATT TTCTGGCATT TTGCAGCCCA GCATGAAGAA GAAAAACAGA  
 50151 GCTAGGAGTT TTCTGGAAGT CAAGTCAAAA ACACCCTGCA AATTCCTATG  
 50201 GCAGTCCTCC TTTCCATAAG CTGCATAGCC AAAAATGTTT GCCAGACACT  
 50251 TTTATCACTG GGTGTTTCAG TGTTTTTATT GTTTAAGCGT TTTGCTGACT  
 50301 TGTGATAATT AAAATTATTA ATAATCATT AAGAAAGAAA AAGTAGAAGT  
 50351 AAATAATGTT AATTATCTGT GGTTATCAGT AGAGGTCTGT ATGTTACCCC  
 50401 AGCTTTATTT GACATTGTTT GTGATCAGTA AATCACAGAA TAAAATTCTG  
 50451 ACATCTAAAC CTTGGCTAGA GGTCTCTATA ATTTTATGGA GTCTGTTTCC  
 50501 TACAATCTGT ATGAAAGATA CTTCAATATT TTAAGTTTAC ATGCACCCAT  
 50551 CTTTTTTAGA GTATAATTTT ATAACATTTT GGTTTATGTT GCTTATGATT  
 50601 TACATCTTAG AGTCTTTTAA TTCTGTCTTT TGCTTAAAGG AATATTATGG  
 50651 ATCAAATGAC CTATATTTTA AGAATACCTT ATGGTTTATA TATTAAGAAA  
 50701 CATTATATATA AAATTCTAAA GTAACCTGCT TGTAATTTT CAATTGAATA  
 50751 ACTTAATGTA TTTCATTCTA TTCTTCTCAT AGTAGATAAT AAAAAGTACA  
 50801 TCATGATTAT TGTATTCAAT TATACTGTG GAATTAATTG AAAATAGTTT  
 50851 TTATAGTTAA AGTCTTTCTT TTTATTGTTT TACAGGCTGA AGAAAAGGCT  
 50901 CATTCAAGAG TAAAAAATA TATGCAATAT TTTAATATTT TCTATTTTAG  
 50951 TTTGCATTCA TGATGAAATT AGTCTTGTA CCACTAGAGG GCTCTGTGAT  
 51001 ACAATAGCAG AACTCCACAG GACTGCTGAA GTAAGGCAGC TAATTGATAA  
 51051 ATGGTCTTTG ATATTGCCTC TTAATAATAA AATGAAAGGA AGTTTGTATA  
 51101 GCAAGCTGTC CTTTCACATT CTAGATTGAG TCTTAGCTCA ACACCTAATA  
 51151 AGTTTTCTAT AATAGTAAGC ACTCATTAAG TCATTGATAA ATGAAGGTCT  
 51201 ATGGTCTTCC TATTTTATTA CAGTCTTTT CCCACTCCCT GTAAGACCAT  
 51251 CTACACAGGA TAATGGTTGA AACTTGGGCA CCAAGCCTCC ACAACACAGG  
 51301 AACTAGCAT CTCAGACTAT CTGTTTTGTG TCATTATCTT GTTGCCCTTA  
 51351 ACTGCCATTT TATGTGTGGT GTGTCACCTA TTGTTCTAAT CACATATTTT  
 51401 ACAATACAT ATTTGGTTGC ACTCGTGAGC AAATCAAAT GCATTACAGGA

Fig. 2 (Forts. 28)

34/77

51451 AAGAATACTA TTTTAATTTT CCTTGGTAAA ACATTTGTCC TGGTCAAAGA  
 51501 GAGCAGGAGG ACTTTAATTA TGACTTTATT CAAGGTGAGG TAATGGCTGT  
 51551 TTGATTGGTT TACACTGAGG CAATCAGACA ACAGAGAAAA AAAATGCCTT  
 51601 AACACAGCT TTTGCAAAAG TATTCCTTTC CTTTGAAGTC TTATTTTATT  
 51651 AGCCTTTAAA AATAAAATTT GTGCTATGTT TAAAAATATT TGAAAATTAT  
 51701 TGATTAAACQ AATTTGTCTT TATAATCTCT GAACCAAAGA GTGGATATGA  
 51751 TTTTAAAAAA TCAAAGTGGT TTTATTTACA TCACATGGAC ATGACAAAGC  
 51801 TTCTAACACT GATCATAGTA TAGCTACTGA AGCATCGAAA TGCTACATCT  
 51851 ATTTGCCTTA GTAGTAGTTA TTCAACTCCC CTTTTATCAT TGATGCTGTA  
 51901 TCATGAGTTA TGGTTTAAAA AAACAATTTT AATCACTTTA CAGTTTCCTG  
 51951 GATTATATTT TAAAGATACT GGAATCATGT AATAGAGACT ATTTAATTTG  
 52001 AGAAATGCTC TTTGAGTTTG GATTCATTTA TGAATAAAAT AGACGCTGTA  
 52051 TTTTCTGAAA TCATTCATAG TCATTATCTT ATAAATGTAA AGCAAATGTT  
 52101 ATTTTAGACT GGGGTGTATC TGTTCGGAA AAAAAAAAAA ACAGGAACGA  
 52151 AGTAGAATCA CATTTGGTGA AATTATATAA GTGTCTACTG TTTCCAGCTT  
 52201 AGAGTTCTCT ACTTTGTTAG AGTGTGTTGAG TTGACCACCA TTTATTTTCA  
 52251 ACAAATCTA ATGCCCGGGG CAAAACTAG ACAGTTAATA AACTATGTCA  
 52301 AGAATTCTCT TTCAAAGTGA GACAGCATTC CAAAAGTTCA ACTACAATA  
 52351 TAGATAAGAT TTGTTTTTGA AGAAATGAGA AGCATCAAAA GTAGAATGTT  
 52401 TAACATCCAA GTAAGTAAA TCCCTTGAGA CTAGATATAT ACTTATAGAA  
 52451 CCTAGTGTCA GATTGTTATA AATGTTCTAT CCTTATTAGT CACAACATGA  
 52501 GACTTGCAGA ACAAAGTGA GAAAGTGCTT GAATTAAAAC TTAAACATG  
 52551 ATATAATATA TCCTTACCCT TTTCTGTTT AGTTTTATTG GAGTGTGAAC  
 52601 TTAAGTAAA AGAAAGATAC CTTAGAATAT ACATTATATT GGTATTATCTA  
 52651 ATTAGTTGCA CCTATCATTG GTTTTTTCCC CTGATTTTTA AGATGTGGAT  
 52701 AAGCTATAAA GCATCTCTGA GCTAATAATA ACTCACTAAA TAAAGGTCTT  
 52751 GATAATACAG ATTTGGGAAG GCTTCTCTGC AGTCATTGAA ACTCCAGCCA  
 52801 ATAACAATTT AAATGTGAAC TGATTAAATG TTGAATTAAG CCCAAGTTTT  
 52851 AGTGATTGCA GGATATTCCA TAGCCTTTGA GAAGTTTTCA AACTATGAGA  
 52901 AATTAAAATG TACAGAGGAA AAAAAACCT AAGATTTTCT GAAAAAGAAC  
 52951 ATGGAGTATC TTTTACTAAA AAAGAACAAG AAAAATATGT GTGTATATAC  
 53001 AGTTTTTATA AAGAAAATAT TTTTCTACAG TTTTATTACC ACAGTTTTTC  
 53051 TAGAAGGAGA AGAATCAATA CAGAGGGTAA ACTGCTCTTG AGTCATTGTC  
 53101 CATTTGAGGG ATGGCAAATG GAGCAAGTGA GCGTACTTTG ATTTGTAGAT  
 53151 TAGAGTTTGA CACATAACAC TTTGCTTTG AATGACATTT GCTTGTTACT

Fig. 2 (Forts. 29)



53201 GTGGAGTCAG TGTTTCATATC CTTTATTTTC AGGAGTTGCT GCTGATACAA  
 53251 TGGGGTTAGA ATGAGCTAAA TACAGCATTT GCTTTCTTGG TTTGAATTCT  
 53301 GGGTTTTAAG TAAAAATCTA CTTGCCTATT CCATTGATTT TTTTAATTGC  
 53351 ATTCAGCAAA TCCATAAACT GCGGAGAGAG CTGGTTGCAT CACAAGAAAA  
 53401 AGTTGCTACC CTCACATCTC AGCTTTCAGC AAATGTAAGT CACTTCATTT  
 53451 TTAAATATA TTACAACAAA TTTTATAGA GGAAATGAA ATCATTTTAG  
 53501 TAACAAACTT ACAAATTTTC AGTGCCTGAT ACAGACTTAG ATTACCAACT  
 53551 AGCAGGACTC ATAAAAAGTT AACATTTTTT GCCTACTCAG TAATAAAATG  
 53601 TAAATCCAAA CTGATGAGAG GCAGCAATAT GGTAAAAATG GCTTGTGTGT  
 53651 TCTAATAAGA TTGGAAACAA TAGTAACAGC CATATGGGTT ACTTCTTTTC  
 53701 TTGTTTGCTA TTTTTATTAC TCCTCTTGCA TAAGATTCCC TGACAATGTA  
 53751 AGAGGGGTTG TTAGTGTTTG ACTTTGGAAG ATAAAATATT CCTGTGCCCCA  
 53801 GCCTCCTTCA TCTCAATGTA TTGAACAATT TGTTAAGCAT CCAGTTAATT  
 53851 CTAAATATG AAATTAGGTC TAAATAGGGA TAGCTTAGCT GCACTGTGGA  
 53901 TGAGATATGG TTTGCTCAAA AAACCTTGGC AGCCTTCTCA TAGCAATTTA  
 53951 AAAGGGTACA CTTTTACTGG CACCAGAGCA GCCCAGGATG GCAGAAATGA  
 54001 TGACAATGAA GACCGTCAAT TAAATTAACA TTTACTGAAT ATCTTCCACT  
 54051 GTGTCAGGGA GCACTCAGAG TAGATGCAGA ATGATAAAGG AGAAATGTGG  
 54101 CACTGTTCCC AGTCCTGAGG AGCAATGGTG TTAAGAACAG CAGTGAGGGG  
 54151 TAAGGAAATG CQTGCTATTT TGCCATATGT CTTACCTCTC TCACTCAACA  
 54201 GTCCTTTGCT CAGTCTGCT GCATAGCTTT GGGCCTGCTC TGTGCCTCCC  
 54251 CACCCCTCCC ACTGCTCCTC TACTGAGTTT TTCTATCTCC TAGACAAAGC  
 54301 ATGATATGTC AAGAGTGAGC AGGTGCAGAC CCACAGTGTA AGACTTGAAT  
 54351 AAGAGCCATT TTTAAATTTT TTTTAAGCTA TCATTGTGCA ATATAAATTC  
 54401 TAAGTATGTG TATCATTTCA TTCACAATGT ATTCATTTTA GCACTGTATT  
 54451 TGAATTGATT TTATTTTCTG AAATTTGGGA GAATTAATTT TGGATTTATT  
 54501 CTATTTATTT TTAATAGATG GTGTTAGGAG ATTCCTGAAA ATAATAGCAG  
 54551 TTTTATAGATA ATTGTTTAAG CAATATGAGA AAATAAGGGT ATTATTTAAC  
 54601 CTTGTTGTGT TTTTAAAGAG ATAGTCCAGA GGCAACCGTA AATTTTATAA  
 54651 TATAGGCTAC ATGTATAGAA GTATGAAATA TTGTTGTCTA GGTTCCTGAA  
 54701 TTTGTACCCA GAGGAAGTAG AATAATGTAA ATGTCAGAAC CTCCTGGGTT  
 54751 GTGTTTATCT GCAATAAGAA AGGCTCAATG GCAAACCTTA TTTATTAGAT  
 54801 TGTCAGGATA CTTGCAGATG TCTTGAATGA TTAATCAGGG TTTCATTTTA  
 54851 TTTTAAATGT CCCTTGGTTG AGCTCATCAT ATAATTCAGA TATTGGAATA  
 54901 ATAAATGGCT GCTAGACATA GTGGAAGATG GGCTGATACT TTCCATTTGA  
 54951 AATGTAATGA TGCTTATTGT CTTCAAAGA AAAAATAAA ATGGTATTTT

28.00.99 65

36/77

55001 ACATTTTTTTT GTTTTTGTTT TTGTTTTTTTT TTCTCTGAGA ATCTCATTCT  
55051 TACTCATGAT TATTGGTTTC TTGTGTACCA TTTCAACATT TTTCTATTAT  
55101 ATGCTAATGT GTATATATAC TTAATACACA CGTGCAAAAG CTTCCACACA  
55151 CACACACACA CACACACACA CACACACACA CACACATACA CACACATACG  
55201 GAACCAAATT CTAACATAGG GGAATAATCT TCGGAGTGAA CTCTGTGCTG  
55251 CTGTTTGAAA ATGGAGATAT AATTTTAGAA AGGTCCTGC AGTTGGCTAC  
55301 CCACCTCGTC TGCTCTAATT ATGCTTGTC CACTATTTTC ACTGATGTGT  
55351 TTTTCATGACT TTAGGGCATG AATTCTCAGC TGGGTGTTAA TATGACCAAC  
55401 AAAGGGTGAA AACAGGTTCT TGCATTTTTT TAAGTACTCT TTTTATGTGA  
55451 AAAGCACAGA TATGCAGATA ATACATAACT GAACATCCAG CATATCTGTG  
55501 GCTTTAAAT ATCACGAAGA AGAGCACAAT TAGGGAAAAG AAAACATCTA  
55551 TAGTGTTC CTAGGGGAAC AATCATTTAA AAAAAAATAA AAATAAGGAA  
55601 CACAGACTAG AAGCAGCAGT GCCAAATAGA TAATTCATGC TAGTCTTTGT  
55651 GTTAATTTAA AAAGTGCTAG TCTTGGAGAC AAACGCCCAA ATTGCTCTAG  
55701 GTTCCACTCA GCTGTATGTG TTATCATTAG TATTAACTTT TGCACGCTGA  
55751 TGGGAGACTG ATATATATCC TGTTTTATGT TCCTTTAAAC AATTATAAT  
55801 GTAATTTAGA AACCTTCTCA AATCACATTA GATCCACACA AAAACCTGTA  
55851 CATAGCAGCT TTATTTTTTA ATAGCCAAAG AAAGGAAACA ACCAAAAATA  
55901 TCCCTTAATA GGCCAGTTAA TAAACAAATT CTGATACATC TATATCATGG  
55951 ACTACTACTC AGCAATATAA AGAAATGACT ATTGATACGT GCATCAACTT  
56001 GGGTGATCC CAGGGGTATT ATGCTGAGTG AAAAAAGACA GTTATAGAAG  
56051 GTCAAATTTT GTATAATTCC ATTTATATAA CATTCCAGAA ATGGCAAAAT  
56101 TAAAGAAACA GAGAACAGAT TAGTGATTGC TAAGGGCTAA GGATGAAGGA  
56151 GAGAGAGAGG TAGTGTGACT ATAGGAAGAG GGAGATCTTT AGTTTTGTAT  
56201 TTTGAATGAG ATGGCCATCA CATGAATCCA CATATGTCAA TCTATTAATG  
56251 TAAATCAATA TTGTATTCCT GGCTTTGATA TATAATATAA TTTTATAAGA  
56301 TATATAATCA TTGGGGGAAA CTGGATGAAG GATACAAGGG ACCTCCCTGT  
56351 ACTATCTTTG CAACTTCTTG TGTATATAAT TATAAAATAT ATAATGTATT  
56401 AAAATGTATA AAATAATATT TTAAGTATCA GATACTGATC TTTACTCAGT  
56451 ATATGAAGTG TTCTATCATA ACGTACATG CTTTTCCTTT ATTTGTGGTA  
56501 TTTTAGTTTC AAATAAAAT ATAAATCACC TAAAGATCTA CGACAGTTCT  
56551 TTTGAAAAAA AATCTTGCTT TTAATTTCCC AGGAGTTTCA ACCTTAATCC  
56601 TCTCTTAGT GTTCTTTAT TTGGTAGTGA TAGGGACTAT CAAAGCTTCT  
56651 TACCATCAAA TACATTTACT GACTAAAAAT AGAAAAATAA TTTACATTGT  
56701 AAAAATGTAC AAATTGAATG ACAGTCAAAA GGTACAGGTA ATGAAGATAT

Fig. 2 (Forts. 31)

37/77

56751 GCATTAACAT CTACTTTTAA AAAAAAGTTT ATTAAAAATTC TCTTTTAGAC  
56801 TAATGCAGTA TCTGGGAATT TATATAAATA GATATGTATA TAAATGACTA  
56851 TTAAACAATT TTAATGTCAG TTATATTTTA AACATTTTAA TAATATTGTT  
56901 ATAACATATGG GGGTAAAAAT TTGTATATAT CTGAACATTT TTGTTCTTAA  
56951 GGAAATAATC ATTTTACAT ATCCAGGAAT TTGAATTACT CTCAAGTCAC  
57001 CTATTAATTA CAAGTCATTT TGAAGTCATT CATTTTCTTT GTGTTTGCTT  
57051 TATAATGTC TTTTAGATTT CATGCATCAT AATCAGCCAT CAAATAATTT  
57101 AGTTAATACT TGATTTTCC TCAGTTGTAA GAAGTGCTGT GTTTAAATTT  
57151 CATTCAGAAT GTTTCATTT ATCTGAATTA ATATCTGTTA ATGTATGTAA  
57201 TATACACATA TTTTAAACAT GCATGTACTT AAATTGATTA TAGGGACTTG  
57251 GTAAATTAC TTATTTATAG GATATTTTAA ATATAATCAA GGATTTTTTA  
57301 AATCTACAGT TCCCATTGGA AAGTAAAAGT AAGTCTTTGT TTAGTAGTTT  
57351 GTTCACAGTA CAAGTAAACT TTCTACCTTT TGGTTAAATG TGAGTGCAGC  
57401 CCCCACAGTG AGAAATTGTT ATATTAGAAC TCTAATAGCT ATAATTTATA  
57451 GGGATGAATT TCAATGAGTT TGGTCTAAG AAATAATCTG TTGGTTTAA  
57501 CAACATTTTT AAGTATCAGA TATTCATCTT TACTCAGTAT GTGACATGTA  
57551 CTCTCATAGC TTACGTGCTT TTCCTTTATT TGGGGTGT TTATATATATT  
57601 AATTGGTATA TCGCATATTT AAAGTTGGCA TAATTACATT TATATGGACT  
57651 CTAAACAATA ACTTGTATTT TAATTTTAA ATTTGAAATG CATCTATGTC  
57701 TCTGTAAAA TGCATTTCTT TCCCTTTGCC CAAATGGGGT ATGGTAAGTC  
57751 AAGAGAGTCT CTAGTTAGCT CACCTCTCAT TTGACTGGCA GAGTAAAGCC  
57801 CTGTTCAGT AGAATGTGTG TTAAGCCTT CCTCCCTTT GTAAAGTTGT  
57851 TCTGAACAGA GCTGCATAAA ACCACAGGTA AAGTGTAAAG CTGATTCTAC  
57901 TAGCATGTCC TTAGAAAGGA GAGCGGTAT ATTGGCAGGT CCTATTGCCT  
57951 GGCCTTTCTG ATCAATAACT CACCAACAAA CAGAAAACAG AAGCCGCACA  
58001 AGGAAAGGCA GAACTAAATA AATGGTAATA GCAAACAATA AGCCAGATAG  
58051 CCTCTGGCCT CTCGCCCACA CCTTAAGGCA GCTGGGTCAG GTGGGATGCT  
58101 TTTGTTTGTC TTTTAAACGTA TTTCTTTTAC AAATCTCAGC CATTACATAA  
58151 TTTGAAATG GACACAAGGC TAGTTATTAC TAACATTTTT AAAGACATTA  
58201 CTGAATGAAT GTGTAAGAAA ACAAAGGTC CTTTTGCCT TTCAGCAGAT  
58251 AAGTCTTTTA ACCAAAAATC TCTTGGGTAT TTTGAGATTG TGTTCTACTT  
58301 CTTTGCTTAT TTAATATTTT CATAAATTT GCTAGTTACT CTTGCTTTTT  
58351 TGCATCTCTT CTAAGAGAAA ACAATTGGTG CATATTATTA ATGAGAAACA  
58401 CTTAGTGTT TGGACAATTT TTTGTAGTGG AAAAGAAATG TGAACTTTA  
58451 TGTGTCAGAA TCATTCTTGG TTCAACTAAC TACTAATTTT AAAACATAAA  
58501 GTCTTAAATA TATATAAAGT TTATATGGGT AAATATATAT TACATATAAT

Fig. 2 (Forts. 32)

38/77

58551 ATATGTTTTA TATTTATACA TAATATACTA TATATTTATA CATGATATAC  
58601 TAAATATTTT CCCATATAAA TAATAAAATG CTCTAGGCAT ATATGTGTGT  
58651 GTGTGTATAT ATGTATATAT ATATATACCT TCATAACATA CATATATAAA  
58701 ATACTATATT ATATATACTC TAGGTATACA TATATGCCTA TATATGCACC  
58751 TATATATTTA TATATTACTA TATAATATAT AGTATATATT ACTATATATA  
58801 CTAATATATA TTACTATATA ATATATAGTA TATATATAGT ATATATTATA  
58851 TAGTAATATA TTACTATATA ATATATAAAT ATATGTGTGT ATATATATAT  
58901 ATGCCTAGAG TGTTTTTAAT TTGTCAGTGG GCTGTCTCTG TAATCTATAT  
58951 GAAGAAATAA AATGTAGACG TTATGTATAA TGATATTTCA TCTTGTGTGT  
59001 TGGCATCATA GTAATCTCTT TTACATATCT ATTCAGATTA CTTTTCACC  
59051 AGCCTAATAC ATTGTATGAT TCCAAAACCA AAGAGAGTAT GGATTGAAAT  
59101 GATATTCCCT TTACTAATAC TCAGTCTTGT CTATTTTATT ACCTTTATAG  
59151 ACTTCACCTA ACACAAGTCA GGGGATATTT ATCATCATAT TAATACAATT  
59201 TTACTCTGAC CTTAAAATTA TGCAACTGCT AAAGGAAAAA TCAGAACCAA  
59251 ATAAACTGTC ATTAACAACC CCCCTGAAAA TCCATATTTT TTAAAAGTCA  
59301 TTTTATCAAG TCTCTCAGAC AAGATGTGAT ACCCTATAAG TTTAATCAGT  
59351 TTTACTTTCC ATTTTCTCTT CATTAAGGTG ATAAAGATTA TCATTAGTAG  
59401 AAAAATTTTC CCTTATTTGC CTCCTTTTCC ATTTACCCTA TTGAGTGAGA  
59451 AATTTAGCCT CTCATAACTT CTAAAGTAGC AATGTTAATC TGATAAACTA  
59501 AACCAAGGTG AGATAAATTT AAGACAATAT TTTTTTCTT CAACTTTTAA  
59551 GTTCTGGCGT ACATGGGCAG GATATGCAGG TTTGTTACAT GGGTCAACAT  
59601 ATGCCATAGT GATTTGCTGC ACAGATCAAC TCATCGCCTA GATATTAAGC  
59651 CCACCATCCA TTAGCTATTC TTCCTGATTC TCTCCCTCCC CTAACCTCCA  
59701 CTGACAGGCC CTAGTGTGTG TTGTTCCCA CCATGTGCCC ACGTGTCTC  
59751 ATCGTTCTAC TCCCACTTAT AAGTGAGAAG AAGTGGTGTG TGGTTTCTC  
59801 TTCTGTGTT AGTTTGCTGA GGATAATGGC TTCCAGCTCC ATCCATGTCC  
59851 CTCCAAAGGA CATGACCTCA TTCCTTTTTA TAGCTGCATA GTATTCCATG  
59901 GTGTATATGT ACCACATTTT CTTTATCCAG TTTATCATTG GCATTGGGT  
59951 TGATTTCATG TCTTTGCTAT TGTGACTAGT GCTGCAGTGA ACATAATGCA  
60001 TGCAGGTATC TTTATAATAG AATTATTTAT ATTCCTTTGG GTATATACCC  
60051 AGTAATGGGA TTACTGGGTC AATTTCTGCT TCCAGATCTT TGAGGAATCA  
60101 TCACACTGTC TTCCACATTG GTTGAACATA TTTACTCTCC CACCAACAGT  
60151 GTAAAAGCAT TCCTTTTTCT CTGAAACCTC TGCAGCACCT GTTATTTCTT  
60201 GACTTTAATA ATCACCATTG TGAATGCTGT GAGATGGTAT CTCATTGTGG  
60251 TTTTGATGTT ACCCTTTTTT TTATATGTTT GTTGCTGCA TGACTGTCTT

Fig. 2 (Forts. 33)

25.02.99 68

60301 CTTGTAAGTG TCTATTCATA TCCTGTCTAT TCATGTCTTT GCCCACTTTT  
60351 TAATGGGGAA GTTTGTTTTT TACTTGCGCA TTTGTTGAAG TTCCTGTAG  
60401 ACTCTAGATA TTAGACCTTT GTCAAATGGA TAGATTCCAC AAATGTTCTC  
60451 CCATTCTGCA GATTGTCTGT TCACTCTGAT GATAGTTTCT TTTGCTATGC  
60501 TGAAGGTCTT TAATTAGATC CTATTTGTCA ACTTTTGCTT TTGTTGCAAT  
60551 TGCTTTTGGA GTTTTTGTCA TAAAATCTTT GCCCTTACCT ATGTCTTGAA  
60601 TAATATTGCG CAGATTTTGT TCTAGGGTTT TTATAGTTTT TGGATTTTAC  
60651 TTGTAAGTCT TTAATCCATC TTGGGTTAAT TTTTGTATAA GGTATAAGGA  
60701 AGTGGTCCAG TTTTAATTTT CTGTATATGG CTAGTCAGTT CTACCAGCAC  
60751 CATTTATTAA TTGTTTTTTC AGTTTCCCA TTGCTTGTTC TTGTCAGGTT  
60801 TGTCGAAGAT CAGATGGTTG TAGGTGTTTT TCACTAACAT AATCATAACA  
60851 TACATTTTCAT TGAAAACAAC ACGACTCAA ATGTTCTTTA GTAACCAGTT  
60901 ATAAGTTTTT TTGTGCATAA TTACAACTG CCATTCTAAT CATAAACATT  
60951 TTGTGGTTAC TTATAGCTAG AAAATGTGAG TAATATAGTT TATACAGCAT  
61001 ACTCTTTACA ATCCCGATTT CTTTGTCAA CTTTAATTCA TATTAAATTG  
61051 ATAAAGTATA CACAAAGGGT AAAGGAGAGT AATTTTCTTC AAGTTTCACA  
61101 TTTAAGGATT CATAGTAGAA TGATTAAACC TTACATTTCT CCACTATAAG  
61151 GAGAATTAAA ATGGAAATAT TGAGTAAAT CTTACATTTC ATTTAGTAAG  
61201 TGCTAATAAA GGGTTTCTGC CATAATTTTC CTTATTTTAA AAGAAAACAC  
61251 ACAATTTTAG TTTTAGGTTT TAGTAACCAA TTTTATGGGC ATAGTGGGAA  
61301 TATTTCTAAC AGGTTAACT GAAGTGACCA TCATGGGCAT ATATATATAT  
61351 TTTAAATTCA CATATATGAA TACTATACAG TAAAACTAA CTTATGCTAC  
61401 ATACCACATG GATGAATCTC AAAACCCATG TAAAGCAAAA GAAAACCACA  
61451 AAAGAATCAT GCCATTTGAT TACACTTGGG TGGTTTTTAA AACAGGCATA  
61501 TCTAAACATA GTGCTTTAAA GTGTAAGCTT GGGTAGGAAA AACTATAAAG  
61551 AAAAGCAAGA AAATAATTAC CACAGAAGTT ATGTAGAGGT TATCTTTGGG  
61601 GAAGGAAGAG GGAATAATAA GAGAGGGACA AAGAAGAGCT TCTTGGTTCT  
61651 TGAAATGTCC TATTTCTTGA CTTGGCTGGT GAATGCATGA ATGTTCACTA  
61701 TGTGATAAGT CAGGGGGCTG TTTTCATTTT GTTCACTTTT ATATATGTGT  
61751 GGATTTTTTC ACAGTTGAAA AGGTAAAGTT CAGGTGTGGT GGCTCACACC  
61801 TATAATCCCA GCCAACACTT TCGGGGGCCA AGGTGGGAAG AATTACTTGA  
61851 GGCTAGGAGT TGGAGAGTAA CCCAGGCAAC AGGGTGAGGC ACTGTCTCTA  
61901 CAGAAAATGA AAAAAAAGTAG CTGGGCATGT TGGTACATGC  
61951 CTATAGTTCT TGCTACTTGG GAGGCTGAGG CAAGAGGATC ACTTTAGCCC  
62001 AGGAGTTTAA GCCTGCAGTG AACTAGGGTT GTGGCACTGC ACTCCAGCCT  
62051 GGGTGGCAGC AAGACACTGA GTAAAAGAAT AAAATAAATA ATTAAAAGTT

Fig. 2 (Forts. 34)

40/77

62101 AAAATATAGG AAAAAATGAG CATAGCCTTA TGCTAATTTT TCAGTTACTA  
 62151 GGTCTGATAT CATCACATTC CTGCTTGTC ATTGAAAATT TTTTAAACTA  
 62201 TGATACTTTT TTTTAGTGGT ATTTATCCAA TTAAATCTGC TAACAAATTT  
 62251 GGTGTATAAA TCTCAAGGGT AAGGGTATGT GGAGAGTGGG TGTGTTTGTG  
 62301 TGAGAGAGAG AGAGAGAAGA GGGGGAGGAG AAAAGAAGG AAGAGGGAAG  
 62351 GAATGGAAA AGATAATAAA GAGTTGTTCT GATAGATTAA TCTTTAGTAG  
 62401 ATGTATTCCC TACAAATTGT TTTCTCCAT ATTGCAGTGT CAGGTAAAGA  
 62451 AAGGCATCCC AGGATGAATT CAGAGCTAGG AACATGCACC TTTGTATCAT  
 62501 AATGCTAATG GAAGGAACAT GTACATTCTA ACTGTTACCA ATAATGGAAT  
 62551 ATATTTCCGT TATTAAGTAA TAAGCTTTAA TTCTTTGTAT TTTTGTGATC  
 62601 CATTTGATAG TAGGTGCCTC AGCATTTCCT CTCTGCTATA AGTACATGGA  
 62651 GATATATTTT ATTTAAGTCA TCTTATTCAT GTCTTTCAA AAGAAATTCA  
 62701 TTTTGGCCA AGGATTTCCT AATTTTGCCC CATATATAGG TATAGTTTAT  
 62751 TATAGACTTC GTTTGCAAAA TATTAAATCC TTATATCCTT TTAGGGACAC  
 62801 AATAAAATTT TATAAGTTTG AGATAATGTA CTTGCAGTTC TACCTCAGGC  
 62851 CGTGCTGAGA GATTGAAGTG CCTCTTCATT TTAACATTTT GGGTTCAAGT  
 62901 TGTTCATAA GGGCATGCAA ATGGAACTG GCCTATTTT GAGCTTTAAT  
 62951 AAAATCGTCA AATACTTCTT AATCTTAAGA GTTATAGTTA TGTACTACAA  
 63001 TATGTATAAT TCTCTAATAT TTAAACAAA ACCTGAAAGC CACAAAAGCT  
 63051 TACTGTGAAA TAAAATGTGA TGGAATATTA TTTCTAACTG GCTTACCTGT  
 63101 ATTTCTTCA TTGAAGGGAA TATGAAGTAG AAAAGCCCTT TTATTGAAAA  
 63151 GAGTTTGGA AGTAAAGATA ACTCTTTTCA ATTCAATTCT TTGTAAGTAG  
 63201 AAAAAGAGTA AAGATAATGT TTAGCTGTCA GCAGATGTCT GACACTTGAT  
 63251 GGAGCGTATC ATTACAATAG AGCAGCTAAC AATATCTGCA AAGGTCATCA  
 63301 TGAAAGTATA AAAATGAGGA ATATTTGTCC ATTGACCATT TCAGTGACCT  
 63351 CTTTTTGGGC TTTAAGTCTA AAAATCTTGG CAGATCAGAA CTTTATATTC  
 63401 GGCATTTTGA GTGTCAAATC TCTACATGAT GTGCAAGTCA GAAGGAGTTA  
 63451 TTACTTGCAA AATACCATCT TCTTTCAGAA GTTAAACTCA CATTAAATGC  
 63501 CAGGAGACTG AAACACTGAT TTTAAGAAGA CAAAGTTTAG AAAAGATGAA  
 63551 TGAAAATGTG TGTAAAGAA GAGTCACCAG TCAGAGCTAA CTATGATAGT  
 63601 CATACTATTT AAAGAGTTGG AACACATGAA ATTAAGCATT TTGTAAATG  
 63651 AAGGCTTTTC ATCCATCCAC ATAAGATTCT GACATTTAA CTATGTTTCT  
 63701 TCCATTCTGT TCACAGGCTC ACCTTGTAGC AGCTTTTGAA AAGAGCTTAG  
 63751 GGAATATGAC TGGCCGATTG CAAAGTCTAA CTATGACAGC GGAACAAAAG  
 63801 GTATGTTTCA AAATTGCCAC TGGAGACTGA AAGAAGACAG CAAATTGCAT

Fig. 2 (Forts. 35)

41/77

63851 AGGATTCTTA AATAATACCT GAAGCTCCTT AAAAATAATA TTCCAGGCTG  
63901 AGTGCAGAGG CTCATGCCTG TAATCTCACC ACTTTGGGAG ACCAAGGTGG  
63951 GTGGATCACT TAAGGTCAGG AGTTCGAGAC CAGCCTGGCC AACGTGGTAA  
64001 AATCCCATCT CTACTAAAAA CACACACAAA AAATTAGCTG GGCATGGTGG  
64051 CGGGTACCTG TAATCCCAGC TACGCAGGAG GCTGAGGCAG GAGAATCACT  
64101 TGAACCCAGG AGGCAGAGGA CGCAGTGAGC CAAGATCACA CCACTGCACT  
64151 CCAGCCTGGG AGACAGAACA AAAAAAGAG TAATAATAAT AAAATAATAT  
64201 TCAATTCTAT ACTAAATTAA AACAATGATA ATACCTTTCT TTTCAGATTT  
64251 TAATTTAAAG ATTTTATCAG TTTACTCCAT ATTGGAACAC ACAAAGGCAA  
64301 ACAAATCCTT TGCTGGGCAG TCTATTAATT TACTTCTGGA TGGAACTAGT  
64351 AAAAGAATAC TGAATGTTAA GAAAGAGAAA CAGTCACATA AGAGAATATT  
64401 CTGGGGGCAA ACTGTTATGC AGTTGACAAG AATCACACTT TGATAAGAAC  
64451 TTTCACAAAT ACATGGTCAC TAAATCCAGC TATAGGGCAT GGCTGTAGGC  
64501 TAAGACACAC AGGAAGGATG CCTGGGACTC TGCCAAGTAA GGGACTTCAG  
64551 GTTACAGCAG CTATGAAACA AAGGCCAATC CTGTGTAATT TTGAAATAAC  
64601 AAGAACTAGT TGCCATCTAG GGATATCACC TTTGAAGAAA AGTCATTTGT  
64651 TATATCAAAA TACTTAAAT GAACCTAAAG GATTTTATGG TATGAAAGAA  
64701 GGTATACCAA AAAGAAAGGA ACGGAGAATT TAGTTCACGA AGACAAATGT  
64751 ATTAAAAAGG TCCATACTGC ATAGAAAGCC TGGTCACCTT TCCTGTGATG  
64801 ACCAGTTAGC TTACTTCTCT GCTGTTAGTC CAGTGGCCTT AACTTCCTTG  
64851 GATAGGTATC AGAGATAGGT GAAACCTATA GAATTCTATG GAGTGTGTGT  
64901 GTGTGTGTGT GTGCGTGCCT GTGTGTGTGT GTGTGTGTAT GAAAACTGTA  
64951 AATGTGCATA AATGATCAGG TGTCCAGAGC TTTCATCTAA TTCTCAAAGA  
65001 GACCCATTAT ATCAGAAGTT TTGGGTATTT TCAAGAATGC GTTCCTCTAT  
65051 CTATCCATAG GAATGGCTTC AGTTTGTCTT TTAGATTCTG TAAGTTATGT  
65101 GATTAGCTTT ACAAAGTAG TATGTATTAC CAAATTTTGT CACTTTACAA  
65151 AAGTTTATTT TTAACACAGA ATGAATAGTT CAATGAAATC AAAAGAGTAA  
65201 ATCGAATATT CTTATAATTG CCAAGTATTA TTAGCACATT GTATTCTCTC  
65251 TCATATTCTC CGTATACCCT GCCCGTGAGA GAGAATATTA TCCATTCCCTG  
65301 GAAAATCTGT TCTAGCACAG CTAACAAACT CCTTTTGAAA CATAAATTTT  
65351 CCTTTCTTTC CTCCCTCCCT CCCTCCTTCC CTCCCTTCCT TCCTTTTTCC  
65401 TTTTCTTTCC TTCCTTCCTG CCTCTTTTCT ATCCTTCCTT TCTCCTCCCT  
65451 TACACCCTTT CTTCCTTCTT TTCCCTCTCT GTCTCCCTCT CTTTCTTTTT  
65501 TGCTGCAGCT TGTCACCTCA CTATGTAATA TLAGAACCCA GCAAATAGAA  
65551 TTAGAAGGCT TTTTAGAGCA GCTGACGGGA AAGAATAAAA ACACTGGCCC  
65601 CCAGTATTCT TGAATGAGAA TTCTGGCTAT GTCTGTAAA AGCTGGGTAA

Fig. 2 (Forts. 36)

42/77

65651 TCTTGAGCAA GTTTATCTAA CCTTCTTGA ACCTCAAATT CACCTTCTTA  
 65701 AAAGTGGGGA TGATAATGAC TACCTTGTAG GATCACCATG AGGAGTAAAT  
 65751 CAGATACTGT TATCATGTCA CATGCTAGGG GCTACCAAAA AATATTACCT  
 65801 TCCTTTACAT TTCTCTTTTT CCCTTGAAAA TTATAAGATA ACACCAAATT  
 65851 CCTCACTGGG CATATACCAA GCATATTGTT GGAAATGACT GTTAGAATTT  
 65901 AAGTCTCAAT ATCTTTAATA AGTCAAAATT AATAGAATTT TTGTCCTCCA  
 65951 CCQAATATTT TCTTGAACTC TGTTATATCT GTAAGTGAAT TTTCTCATAG  
 66001 AAACATACAG AGAATTTTCT CATATACATA TAGAAAAAAA TGTAGAGGTA  
 66051 TGTTAATGTA TAATGCCTAT GATTAATGCC TGAATATTTA AAAATAATTT  
 66101 CTATAACATA AGAGATTTTA TAATGTGTCT ACATAATCCT TAAAATAACA  
 66151 TTGCCAAAAT TATAAAATTT TCTCAGAAGA TATCAGAATG TCTCATATTG  
 66201 TCCTTATCAC TTTTFTAAC GAAAATAAAA TCACTTCTTT TTGAATTGCA  
 66251 AACTGTATAC ACACAACAAT CATGGTTAAC TAGTTTATTA ATTTGAGATT  
 66301 ATAACTTGCC TATTCTCAAA GTGATATTTA AAAGCCTATA AAATTATTTG  
 66351 CAATGTGAAA TGGTATAATT CAAAGACAGA ATCTAATTAA AACCAGTAGA  
 66401 ATAATGTATA TAACAATATA CCTCAGCCTA GATAATTACT ACTGCAAGGC  
 66451 ACTGAAATGA ATTGAATTTT AAGGAAGCTA TGGTACAAAG GGAGATTGTT  
 66501 AGGTGTGTTT TATTCTCATT TTCTGACCAG GAGAGCATAA TTTAGACTGA  
 66551 GGAGAAAACCT CTTTGGCACT AAATTCAAGG ACGAATTTAT TGCCAAGGTT  
 66601 TTTAAATTGG GGTCAATGAA TAACAAAAGA CAAATCACT GTTCAAAATAG  
 66651 ACATTTCTCT AAAAGCTAAG GGCATAACAT TTAATCATAT TTCCTAAAG  
 66701 GCATTTCTTC AGGGAGCTGA GATAAAAGGG TATATTGCTC TCTGGTGATT  
 66751 CAACAATCCT GAGAAAAGGC TTGTGAAGTA TAGAGCAGAG ATTCTTAAAC  
 66801 TCCCTTCCCC AAGTTATAAG TTTCATTTGT CTATATAGTC ATTCATCAAG  
 66851 TTTATATTGA ATTTGTGCTC TTCTAATGAC AAAACAGTAC AGACAATATA  
 66901 GATATAGAAT GATAGATATA GGTCTATATC TATAGACATA CCTATCTACT  
 66951 AGAACTCTAA AAGCATATTA TACATGTATG TAATATTCCT CATGGAGTTT  
 67001 ATATTTCTCA TATATATCTC ATATATATGT ATCTCTTTAT CATGGAGTTT  
 67051 ATATTTTAGG AGGTCACAGA TGATAATAAA AATATAATTA AAACAGGCCA  
 67101 GGTGTGGTGA CTCACACGTG TAATCCTAGC ACTTTGAAAG GCCAAGGCAG  
 67151 GTGGACTCCC TGAGATCAGG AGTTCAAGAC CAGCCTGGCC AACATAGTGA  
 67201 AACCCTCTCT CTAAGAGAAA CAAAAATTAG CCAGGCCTGG TGGTGGGCAC  
 67251 CTGTAGTCCC AGCTATTCAG GAGGTTGAGG CAGGAGATC ACTTGAACCT  
 67301 GGGAGGTGGA GGTTCAGTA AGCCGAGGTC ATGCCACTGC ACTCCAGCCT  
 67351 GGGCAACAGA GCAAGACTCT GTCTCAAAAA AAAATATATA TATATAATAT

Fig. 2 (Forts. 37)



43/77

67401 ATATAATATA TATATAAATA TATATATTAT ATAATATATA TATAAATTAC  
67451 ATATTTATATA ATATGTAATT TATATATATA ATATATAATT AAAACATATA  
67501 GGATTTTCAGG TGATGATAAG CACTACTGAA AAAAGTAAAG CTGAGAATGA  
67551 GGATACTGAG AAGCTGGTTT GGAAGCTAAA ACACAAAGTA ACAAAGGCCA  
67601 AGGTGGTTAC ATGTTCTTGA TTACATACTT TAAAAATGGA TAAACTAAAT  
67651 TAAGACTCAG ATTCTAGTCT TTGGGCTTCA CAGTGTGATT TTCAGCAATC  
67701 ACATGGCATT AATAGCCTGA AACTACATCA AAATTGTCAT TTGATTTATA  
67751 GACCAAAATA ACTCCCTTGA ATAGAGAGGG ATTCACCTCT AACACTTTTC  
67801 CTATTTCCAG ATGCCAAATA ACACGGAATC TCTTGCCAAA TTTGTGTGGC  
67851 AGAACACTGG TTTTATATAC TTATAGCCTG GTAAGAAAGA AAAGACATGT  
67901 ATGAATAACT TAGAAGGCAG AAAATTATCA TGCTATTAGA CTCAGTACAA  
67951 TGTCATGTGC ATTCTCAAAG GAAACATCTG CAGAGGCAGG AGAATTGCTT  
68001 GAACCCTGGA GGTGAAGGTT GCACTGAGCT GAGATCATGC CACTGCACTC  
68051 CAGCCTGGGT GACAGAGAGA GACTGCATCT CAAAAAATA AAAATTACAA  
68101 AAATAAAAAA TAAAAAATAG TGATCAATCT GGCAGCATTT TCTGAAAGTT  
68151 AAGCAGTATT CCCAATAGCT GCTAAAAGAA GACATGTTAT ATAATACTAA  
68201 GTCTGTAAAGT AGGTAAAAAT TAAGAGAATT GTTAATGTGC TTGCTGGGGA  
68251 GTGAAATTAT CTCTAGGCAT TACCCTATAC CTAACCTAGG ACTCAGTAGA  
68301 CTATGATATT GCGTAGTTT GACCAAGAAT TTTATCCTGA TTTCAGATCG  
68351 TTTTCTCTTC AQCAGCACTT CTTCAACCAGG ATTATATGAA AAAAATTAAA  
68401 CCTGATGCCC TGAGGCATCC ATTATATGTG CTGAAATAAC TTCTTTTCTC  
68451 ACCATCTAGA ATGGTACTAG CTATGTACCA CTCTTGTCAG AATCAAGGAA  
68501 ATTGCTACTC AAATCATTGT GCAGCTTAAT TTTCTCACAG AAGGCCAGTT  
68551 GAGAAAGGCT CAACTTCTAG GAATCCAGCA AACTATATTT TTTATAAGTA  
68601 ACATTTTAC AGAACTACTT CTAAATCCTT GTGTTCAAAT TTAATAAGC  
68651 TATATTCACA GCTAAATATT TCAGAATTTA AAATTTAAAA GACTTTCAA  
68701 TTAGTTCCCT GTAGCTGTCA TGCCAAGGCA ATTAGAACAT ATGTTAAGGT  
68751 ATGAGGGGTT TTTCTTGTTA GAAGGTCAGA GCAGGGCAGA GAAGTAGCCC  
68801 CTTGTATGAG TGATGAAGCT CAGATATTGA CTCCTATGCT AACCATAAAG  
68851 CCTAGTAGTT TGCTCATTTG TTACCTCTCT GAAACATTTT TTTGGGTGAC  
68901 TACAAAACAG GAATTGAAAC CTTCAAAATA AGGGAATTTG AAACCAATC  
68951 TTTGAAAATA GATAATGCTG CAACTAAAAA TTTAGTTGAA TAAGATTTTT  
69001 ACATTAACTC TCCCTAATTT ACGTTATGAT ATTTGCCATC TAGAAGTGTT  
69051 TTTAAAAAAT ATATTGCTGG AGTCAGATGA TGCATCCATT AATCTTTGGG  
69101 GCATAGAATA ATGTGAATCT AAAATTTTCA AATTATTTAC ACTACTGGTA  
69151 TTTGGTCAAT GTAATTTATT TGAAACTAGA TGCAATAGGG ATGGCCAGGT

Fig. 2 (Forts. 38)

44/77

69201 TATTTTCAGTA GAACAACTAG CAAGACTTCA GATGCATGGT GGAGTGGGGA  
 69251 AAGGAGGACC TGTTTAAGGA AACTAGAGCT GGGAAAGTGTG AGATTAACTT  
 69301 AGTGCCAATG TGAGGACCTA AAAAGCAGAT GTGGTGAAA ATTTAAACAG  
 69351 GCTTGCCCTAG AAGGTCAAGT TAGTTGATGA CACTTGATGA GATTGTCCCA  
 69401 AGCTTTGGGA TTCTCAACAA AGTCTTTGTT AGTGAGAAAT TTGGAAAGAG  
 69451 ATCAGGTATA GTTAAGAAAC TGGGTTGGAA AGGCCACCAG GAAAGGCGAA  
 69501 TATCTGACA CAAAATTTGA TCATTTTATT TGAAGCATT TCAAGCCTGA  
 69551 CCTGAACGAA TTGTTTAGCC TCAGATACAT GCATAAACT GTGAAAAGAG  
 69601 ACATTGACTC AATTTAGCTT CTTTAACATG AGAACTTTC GTGGAAACT  
 69651 AGAACTTTAC AAGCTCAGCT GGTGTTGGGG GCATCATTAT CTTGAATAGC  
 69701 TCACTGGAGG AAAATGAAAT CTTAGTTTG TTCTCAGGTT TTAATATATC  
 69751 TATCATTTTT GAAAGTGTG AAGTAACAA ATATGATCTG ATTATCTTAT  
 69801 TCCTAAATC CTTTGCAGAA TTATCCCAGC CTCAATCTC TCTTTAGTAT  
 69851 TTAATGAGAA TAAGAACTG GAAATGACTG AATTGGAAGA GTAGACTTTA  
 69901 AATCCATATC TTGATGGCAT ATACATTTTT CAGTTTTTTT TCTAAATGAT  
 69951 TAATGAGGAT TCTCAAACT TGAGTATCTT CTATGTTTCC CTTCAACATA  
 70001 AAGAAATTGT ATGAAATAT TTTAAAAATT TCTAATGATT TTATAGTTAG  
 70051 CTATCTTGGG AATTCATTC TAATCATGTA CCTCATCCAA ACTCCCCACT  
 70101 ATGGACAAA ATAAATATA AATTATTAGT TGCATCTGAA GGCCACATTA  
 70151 CAATTTCTAT GCATTATAGA AACCTGAGAA AATGTATCTT AAAAAATAA  
 70201 TGTGAACAAC TAACCATAAT TATGAAGAAG AAAAATGAAA ACTAGAAATA  
 70251 AACTATTGAA AAATGTCTAT GPATCAGTTA AGTTTTTATT TTAATTTCT  
 70301 TTATGTTTAT CTCTATAATA CTATTGGGAA AGAGAGAAAG GAAACCTGA  
 70351 CTTTGTCTC ATCCAAAGGA GGTGATTCCA CTGATTTAGC CAAAATAAGA  
 70401 CTTCTGGTT ATAATAATA ATAAAGTTTT TGATGTTTTT TATATGGTAC  
 70451 CCCACTCACT AGGTGATCAG ACACCCTCCT GCAAAAAA AAAAAATACG  
 70501 TATGCAATAA AGTTAAAGTT TTATGTTATT CTTCAAGGG GAGAAACATC  
 70551 TGTTTAACAC AGACCAGAA ATTTCAACAA AGTCATCCCA ATATTTATGG  
 70601 AGATCATAAA TCAAGCGAAA AAATATATTC ATCAACAAC AAACAACTA  
 70651 CATTAATAG TCTCAAAGCA CATTTTCACT TTTTTTCTGA CAGGAAAACA  
 70701 GGTTCACAA GTGTGGAGAC ATTTTACCAT GGCTTTTAA AGTGAGGAAG  
 70751 GATGTTTAAA TAAAGGAAA AATTATATGG AAAGCTCAGA GAAAGAGAT  
 70801 GGGTGTGGCT TGAGTGACAA GGTGAGAGCA GATCTCATTA ACTGAAATGA  
 70851 GAGAGAAGGA AGGAATTTTG CAAATATGGA AAGATACTA GTGCAAGTTT  
 70901 GAACAGATTA TGTCAATCAA TGTAGAATTT GGCTATCTT TTAATCAAAG

Fig. 2 (Forts. 39)

45/77

70951 AAGACTATGG AATATTTTAT AGGTGTTTGC TTATACTCAA AGTTTAAAG  
71001 AAATAACAGT ATGAATTGG TTGAACAAAT TTTTTCATA GATAGGATTC  
71051 TCCCAAGTTA TATAGCATAT ATATTTCTTA ACTAGTTATT CTCCTTTTA  
71101 CATATATTGT GCCACATTGA GTAACAATA ACCTGCTAAT AGCTATTGGT  
71151 TTTTAAAAGA TAATTAATAT TAGAAAGTGA TCATTTTCT GTTCATATT  
71201 AAACATGATA TTCTGAAAA GCAACATTGC CTGAATGTTT TACATTTTAT  
71251 CTTTTTGAA ACAGGTTTTA TAAGAGATTT CTGTGAAAA GCTGAACGTT  
71301 CTGACACTGA AATAAGTCAG CTAACCTAAA GCTAAGCTTA ATTTTGTGAC  
71351 ACTGTTGGCA TGAGGTCTCA TTCCCAATTT TTTCATTAA AGCCACAGGC  
71401 AAATGTTTTA ACAGATTTTA ATCCGTAGTA CAAGCATTAT TGATCTTAAA  
71451 TTTAAGGATA AAAACCTGAT TTTAATTAGA ATTTAATATG CATTCTAGTA  
71501 TTTACGTTGT ATAATTAATA TTTACATTCC ATGATTCCAC TATGTACCAT  
71551 TTATTTCTTT TTGAATAAAT TTCCAGTAGG AGCAGAATAA ATTTTCAGTG  
71601 AATATTTTAT TTCTTGGGGG ATATTTTAA ATGGAAAATA TATTAAGTTT  
71651 CGGTAAAATC TGTGCTAAT TTGGCAGTGG ACAGAATATA AAAATTGGAG  
71701 AGACTGAGTC ATTATGATGA ATTGGGTCTG ACTTTGTCA TGACTGGA  
71751 AATTTCCAC AAATATTATA TTCTTCTTTT ATAATAATA TAGTCGAAAT  
71801 GAATTGCAGT CAAGTATTTG AAGACCCATC TATAAATTTA GGCGTTACT  
71851 GTTGATTTTT CATATGAGA GATTCTTCCA CTCATAAGCT ACTAAAAGTA  
71901 CATAAAGAAG GTCTGTTGT TTGTTTTAA TGTGACTGTT CTCTATCAGG  
71951 AAAATGTCAG GTATCCGATG AAAATAGATA TATGAGGTGC CAGGTATCTA  
72001 TTCCAACTT GGATATCACT TCAATTAGCA TCATCTTTT TTTTTTTAA  
72051 AGTGTCTAAG GTTAGAATAG TCACCAGATA TTCCCATGTA TGAAGCAATT  
72101 TTCTGCAAAG GCCGCTGTGG ATGATCTTTT TAAAATATAT ATTCTGGGAG  
72151 ACATTGAGTA AAGAGAAATT ATTTACCAGA GAATGAAGAA CCGAGGCCCG  
72201 ATTCTTTGGC TTTCTGCCAA AGATGCTGAA GGCAGTGAT AATGACAAAT  
72251 ACATTACCAA GGAATTCTCC CTCTAAGAGG CTGACAAAGA TCTGATTTTT  
72301 AGGATTATAT TACCACCAAG AAGATACCCC TTGTCACTGA GCTTCTAATG  
72351 GAAATATGGT CTATACTGAA ACAATTCTCA GTTCTTTTTC TTTCTATCTT  
72401 TTTTGTAGTT ATTTTATCTT CCAAAAATGA GTTATTTCTG ATAAAAATA  
72451 TCACTTAAAT AATTATGAAA GTTCAAATTT GTGCAAATAT TTTTATTGGG  
72501 ACATCTTAAA ATTACTCTAA ATTCAAAAAG AAAATATATG CTTTATTAAA  
72551 ATTTGATCTG TAAGCTGCTT TGTGTGTAAT TTAATATTA TATAAAAATT  
72601 GTATAATACA TATATTTTAT TTTACTTTAT CCTGTGTTGC TTTGGCTTGG  
72651 TGAGACTAGG TCTCCACATT AGGAGTTTTA CTGAATGAAA AAGTATCAGA  
72701 ATGTAACATG ACTTTGATAT GGCATCAGAA TTTAATAAGA TGACATTTAA

Fig. 2 (Forts. 40)

46/77

72751 TAGGAATTAG GGGTAAGTTC CAGGTTTTAC ACTTAAATAC AAATAATCAA  
72801 TTTTGCAGGC AAAAAATACT TCAAACAAAA TCTGAAATCA TTCATTTGAC  
72851 AAAACTTCAG GTTTCAGTT GACAATAAAT ACAATACAAT GCAACAGTGC  
72901 AATAGTGATA TCTAAATATC TAATGTAATC ATAGGTAATA TTAGTAAGTG  
72951 TGTATCTGA AATGAGTGGT GTGATATCCT GCTTTACTTT GTACTGGTGA  
73001 GTTCTGGGTG CCACCTTTGA AAGGAATAAA GACTATTCAT ATCTCTTTTA  
73051 TAAGACAATA AGAAAAACAA ACAACAAAC AAACAAAAAA CCACCTCCTT  
73101 TACTTTAGCT GAGAAAGAAG TTATTAGGTA CAGCTTGACA AGTTCAGCTA  
73151 AGCATCCAAA TCTTCAGGA GGTGTTACT ACATAAAATC AAACCTTTTT  
73201 AATTCAACTA TGAGCAGGGA GATTTTATTT TTCTTTCGGG TACTAAAGCT  
73251 TCCAAACTCT GTTTATTCCA CAGGAATCTG AACTTATAGA ACTAAGAGAA  
73301 ACCATTGAAA TGCTGAAGGC TCAGAATTCT GCTGCCCAGG CGGCTATTCA  
73351 GGGAGCACTG AATGGTCCAG ACCATCCTCC CAAAGGTATA TTTAGAAATC  
73401 ATTTCATTTT CACCCAATAT AATAGGCATC TATTTTATTT ATTAATTACA  
73451 GTAGAACTGC ATTTACTCAG TGTCACGTG CATTATTAAT ACATACTAGT  
73501 TGTATTAATA GTTGTATTAA TACATACTAG TAGTATTAAT ACATACTACG  
73551 TTGGTATTAA TGTGATCAGA ATCCTAGAAT TTTAGAACAG TGACTTCCAT  
73601 TATCAGATAA TTTTAAACT GATCTTAAGA AATTTGGTTC TATAGTTGTA  
73651 TACACATCTC TCTACTTGAT TCAGTGGAGA TGGAGATGGA GTGGTTGGTT  
73701 AATACATGCA TATCTGACTT CAGGCAAAAC AAACCCATTA ATGAGTATGA  
73751 TAATCTAGAT CTGTATTTAA AAATGAAATA GTCAATATGA TGATATAGTA  
73801 AGCAGTGGGC ATTGGGAACA ACTTTTCCTG GATGGAGGCT ATAAAAAGGT  
73851 ACATTTCTCT TAGATAATTT TGAAACAATA AAAACAACGG GTGAAAGGTA  
73901 GCTCTGTTTT AAATTATTCC TATGCTTAAG CAATTCTAAA CAATGAAAGG  
73951 GGTATTTCTG CCACTGCCCC TACCCCTGGG TTCACCACTG AAGAAATGCT  
74001 CATTATTAAT ATCGTGTCAT TTTTTTCCTT TACATTGGTT CTATTTACTC  
74051 ATTTCTTGAC ACTTTTCAAT GGCCTTCAGT GAGCTCAGCT CTTTCCCAGC  
74101 TTAAAAAATC CTGTCCTAAA ACATGAATGC CTTATTATCT CTCTTTTCAT  
74151 TTCCAGAAGA ATTCTGAGAA AAATTTTATG AAGTCTTCA ATGTCTTCAG  
74201 CCATCTTTAG ACCACTGGAG TGAGCTCCT TTTCCCTCCA CTCCACCAA  
74251 ACAATGCTCT CCAGGATCAG CAGAACTTA CATGACACTA AATTCAAGTA  
74301 AACGTTTATA ATTCTTATTG TATTAGACAG ACATGGAAAC AGCATTTGAT  
74351 GCTGATATTC ATTTCTTCCT ATGTGAAACA TCCGGTTTTT CTAATGTTCCG  
74401 TGACATCATA CATTCTTGGT TTTTCTTCTG TTCCTTGAA ATATTTTTTC  
74451 AATATTTCTT TTGTAAATC ACTCTTTTGT ATCCATTGT TAATTGTTGA

Fig. 2 (Forts. 41)

47/77

74501 TATCCTAAGC TCTCTTCCAT TATGATTCTA TGCATCCTAT TTAAAATATA  
 74551 TAGAAAATCA TCTCATACTC TAGCTGTAAT TTTTATTAAT GTGCTAATAG  
 74601 CTAATAACTG TCAAATCTAG GTCTCCAGGC CAGGCTCTGT ATATCCAGCT  
 74651 ACCAAGAGAG AACTCCACGT GGATATCTTT GGATGTCTGT TTTGCATCTT  
 74701 AAACCTAACT TCTCCAAATT TGCACTTGTC TTCTGTCTCA GACCTGCTGC  
 74751 TCCTTCAGTG CTCTTTGCCT CAGTAGATAG CACCACCATC CTTCCATTTA  
 74801 GCCAGAAATC TAAGTATTCT TCATAACTCC TCCTCTCCTC ATTGAATAAA  
 74851 TTACCAAGAT CCGTTGATCC CATTCCTTAA ATATCTCTTG GATCTGTAA  
 74901 CTTTCTCTCTG ATTTTACTCT TGCCATCCAT CACCTCTCTC CTGAACCATG  
 74951 ACCACAAACC CCTAAATAGC CTTCTCTTTC TTAATCTTAT CCTGCTTTAC  
 75001 ACCAGTCTTC ACGCTGAAGC CAGAATAGTC ATTAAGAAAC ACATCTACAG  
 75051 GTATCCCATT CATTGCCTTT AGAATGGAAT ACAGACTCCT CAGCATGACA  
 75101 TAATCTCTCT TCACCAGCTT CATTTATTCA ACAAATATTT ATTCATAACC  
 75151 AATTAAGTGC CAGATGATGC ACATATAGAC TTCTGTTCT GTTGTTGCAT  
 75201 TGCATATTCC ATATTTTCAGC TATCCTGAAT TGTTTCAAT TATTCATAAG  
 75251 TTCTTTATGA ATTGTGTTCA TTCCATTGG AATATTCTAC CTTGTTTGAT  
 75301 CAGCATAAAG ACTTTTCGAG ACACTGCAGC AGCAGTGAAC CTAAATATGT  
 75351 TTCCTTGACC CCTACATTGA ATGACACCCC CTGTGATATG TTTCTGGAAG  
 75401 CAGCAATACT TCCCTTCTTA AAATTACATT ATACTTTGGG GCTTTTATTT  
 75451 AAGGTATGTC TTTCTGATT TACAATAGTA GAGCTTGTTT TTTCACCCTT  
 75501 TTGAAAGACA TCAAGATGCC CATGATGATG TCTTGCATGT AACAGGGGTT  
 75551 TATTTGAATT TTTAAAAGAA GAATAAAGTA ATTTTAAAT GAATTTCAAT  
 75601 TTAAATTTTA GGAAACAAT TATATAAAGT GAGATATGCT TAAATTGAAG  
 75651 GACAAAGTAG TTCTGTAGGG GCTACTTCTT TCAAGACTTT AGCAACTTTC  
 75701 CATGTGGGGG AGTGATTAT GTGATGCATG GAAAATTACT GCATATTTAA  
 75751 AGCTTATCTT AGAGCTATAA TAAAGCAGCT TATGTTCTAA ATCTTCATGT  
 75801 CGTAAATAGG TCCAGAAGGG ATTTAAAAAG CCTTAATCCT TACTTTAACA  
 75851 CAGCACAAGT CACTGAAGTG AAACCTGCTG AAAGGATTCC TTTTATGTTA  
 75901 GGCAACAGGT AGCTGAATAT ATCTACAGAA ATTGAAAAAT TGGAAATCTT  
 75951 TTGCTCAGAA ATGTGGGAGG GGTGGAGCTT AAGGTAAAAA ATAACAGTTA  
 76001 ATATCTAAAT TGATCAAGAA ATATGAAAAA ATAATTTGCT AGGTTTAAAA  
 76051 ACTAACAAAA ACCATGGTTA TAAAGGTTTG AATATATATA GGATAGTTAG  
 76101 ATTGTATTTT TGTAATATTA AAACCTCAGCA TTAAATTTAA TGAACACAAA  
 76151 GTGATTCTTA TCACATTGAC CATTGACATT ACATGGAAAA AATAGTCAGT  
 76201 TGGACTAATT ATGTGTCTTT CCATGGGTTA TTAAGGTAAT TGTATGGCAT  
 76251 ATAAATTTAT ACTGGAAATC ACATTGAAAT TCACTTTTAG AGGCCCTTAA

Fig. 2 (Forts. 42)

76301 AATATTTCTG TAATATATAT TTTTAACATA TGATCTTAAA AGATATATTT  
 76351 GGAATGACAC AACAGTTTTA TAGACAGGCC TGACTATCAC ACAACCACAC  
 76401 ACCAATTTGT GAATGTGTTT CTATTTCCCTC TAAATTAATG CATCACATTC  
 76451 ATTAACAAAG TTTGATAAAT GACTATAGTC TATAATAAAA TATTTTGTGTT  
 76501 TACAAACATA TTTAAACACC TGCTATTAAG TATAGGCATT ATCAGATCTT  
 76551 AAAATACAAA GATTTAAAAA ATTACCCTGT GGTGATGGAG CTCACAATCC  
 76601 ACTGCAAAAA TAATGTTTGT GATAAGAAAT TTGAAAGTTG AAGGTAATAG  
 76651 AAAATTTTAC CTTTATTTTT CAAAATGTAC CATTGCTTTC TAAGTCACTA  
 76701 CTTCTGTGTA AATATGGAAT TGTTTTTCCT TAAGATATAC CAAATATAGT  
 76751 TGGATAACGC ATGTATTAAA ATTCTGTCAG CACTAAGTTG TTTTTTAGAC  
 76801 ATAGTGATAG GCAAACATAG TTATATTGAA TGAAAAATTA GAATCAAATT  
 76851 TATTAAACAC TGTGTACTGA TTGATACCAC ATGCCATATG CTTGTATAGC  
 76901 AATACAAGGT TTGGAATTTA TAATGGTAAA CAAAATAGAT ACGGTCTTTG  
 76951 TCTCCATAGA ACTTTTAGTC TAGTGGGAGA GCAGAAGGTA AAGGAATGTA  
 77001 TGTGATCATT GGTGAAGCTG AACATGTATA CCCAACAGT TATAAGTTCC  
 77051 AAGATGGACA ATAATGGGTG CCATAGGGAA GGAGGGTACC AAGGAACCTA  
 77101 CTGGAGGTTA CATAGGGAAG ATTATTCCAA GGTAGTAATA TTTAAGTGAA  
 77151 TATCCAAGGA ATAATTGTCA ATCACTTTAT AAGTACTGAG GGAGGAGTAT  
 77201 TTCAAAGAG CTTTGAGGCG GAAAATAAAT TAGTTCCTTT ATGGAAGTAA  
 77251 TGTAAGGAAA ATACTAAGCA AACATGTAAT AAGAAGAACA CGGTTGATGA  
 77301 GTTAAGAAGT GACAAGATTA CTGAAGGATT GTAGGCCATA TTTAGAAGTT  
 77351 GGATTTTTTA TCTATTCTTA TTAAAGTGAG AAGTTATTGA AAGGTCTTAA  
 77401 GTGGGGGAGT GATGATGAAG TTTGCCTTTT AAAAAAGATT TTTCTAGCTA  
 77451 TTGTTTATAG AATGGTTTGA AGATGAATAA GTCCAATAGC TATACTTGCT  
 77501 GTAAAGGTTA TGTGGTAGC TTGAAGTGG GCAGTGGTGA CACAGAGGAT  
 77551 GGGAGATGGA AAATGACGAG TGAACAAACA CATACCTGAA AATTTAAGTT  
 77601 TAAAAATAGA CCTCTCCATT AATTCAGATT GCTGATATTC ATTCCGTTAG  
 77651 CCATTCTTTA CTGAAGTTTA TGATGCCCCA TATACTGAAT TAAATACTTA  
 77701 CAAGCACTAA AAAAGAAATT GTTAGGGAAC AGTAAAATGC ATTTCTTCA  
 77751 TTTCACAATA TTATTAATAT TATGGCTTTG CTAATCTTTA TTGGTGAATG  
 77801 CAGTCATAAT TGAAGGTAAC TGATACTTCC AAGGACTACT TTTGACCTAG  
 77851 GATTACTATC TTTTAAAAA TTTAGTATTA AAGAAGTCAA ACACAATTTA  
 77901 TTAATTCTGG ATATAATAAA AATTCTGAAA TACTTTAATA CTTTGTGCTT  
 77951 TTCTATTTGT GAAAGTTAAT TATTAGGAAC GAGCTAGCAA ATGCTACTTC  
 78001 TTTTTCAAAA AGCTAATGGC CAATCACAGC AAAAATTTAA AGCACTAAGA

49/77

78051 AATACCTACA CATATTCTTC TATTGCCCCAT TTATATGACT TCCATAATAG  
 78101 TTGATTAAAG GATACCGGAT TCCTTTATTG TTGAATTAAA ACCTCCTACA  
 78151 TGAAAACCTT GATTTAGGTT TAGAAGTTGG TAATGTTTTG GCATGCAAAA  
 78201 CCAGTTAATG TTCTCATCAT TACTTTTTTAA AACAATGTTA AGAGATGAAT  
 78251 TCTAGGGATT ATAAAAAAA AAAAGCTGTA TGTGTTTCTT CCTATAAAAT  
 78301 TTTTCAGCAT GATTGCCTCA GTAGAAAAAT TAAGGGACTT ATTGATATAT  
 78351 ATGTATATGA AGGTGAGGAT ACACATATAC ACACACACAT ATATATGTAG  
 78401 GTAAATACAT ATATTACATG TCTATCAATC CATACATACT CATTTATTAT  
 78451 ACGTTTTGAA AGCAACCAGT TATAGTTTTG TTGCCATGGA TCATTTTAC  
 78501 TATTCAGTAA ATCAGTCAAT TGAAGAGGCT TGATTTTATG GTATTAGTTT  
 78551 TTTGGAAACT GTCAGCTTTA TAGTAAATTT TGACATCTTA CAACTTCCAC  
 78601 TGAGATTTTT TTGCTTGACT AATCTGCCTT GATGCCAATA AGTATATTAA  
 78651 CGGAAATGGA CTAAAGCAA ATGTGACTTG AAGCACAATT TTGTAAATTT  
 78701 TCTTAGTGTC TCAGTAATAC TTAATACTAG TGCATTTTAG GTAGGAAAT  
 78751 TTTCACTTTG TTTTATTTTA AATAACTATA AATCTTATAG TTGCTTGAT  
 78801 AAAAGAAACA GATACCTTTA ACATGATTAA ATATCAAATG CTATTCTCTT  
 78851 CAAAATATCT TAACTAAAGA AGCACTGCCT GCTCTTAGAA GTTAAGCAAG  
 78901 GCCATACCAT ATGCTGCGTA CATGGCTTTT AACACAATGG ATATTAGAAA  
 78951 CAGCCTAAGG CTGAGCCTGG CTCCACTATT TTTCAGCTAT GTGACCATGT  
 79001 GAAAGTTACA TTTAGTAATT AAACCTATTT CAGTAGTTTG CTTAAGAAT  
 79051 AAAATTAGGT ACTCCGGGGG CATATCAAGC ATATTGTAAA ACCTAGTTTG  
 79101 ATTATTATTT GTTATTGGTA TTACTATTAC TATTCTATAA TAAGTCATGG  
 79151 GCAGGCAGTA GGGGTACATT GGAAGAATTG CACTGTCTTA AATATGTCCT  
 79201 CTGTTTAACT CACAACTCA GTCTACCTAG GCTTTCTTTG GAGGATCTGC  
 79251 CTTTCATTGG CTGTTTGACT TTGGCCAAGT TACTTAACTT CTTTTCACCT  
 79301 CAGTTTCCTC ATCTGTGAGA TTATGTGCTT ACATGACTTC AGGTTTTGTT  
 79351 TTGGCTCTAA TATGGTATGA TTCTATGAAA TGGAAAGTTA ATACATTGCG  
 79401 CTCTAGTAAC TGTATTTGAA GCACAAATAT TAAAAAGCAC AATTAATTCT  
 79451 CATTCTGAGT TTCCATTTAC TCTTTTAAAT TAATCATTCA GAATAAATCA  
 79501 TTTTGAAGA GCTGCTTGAT CCAGGTATTC AGTAGAAATC ACTAGCATAG  
 79551 CATTTAATTT TAGACAAAAC TGAGAACTCA TTAACTGCC AGGGCTATGG  
 79601 ACTTATATGA GATTCTCATT AAATCTTAAT GTAGATAACT CAGTTAATTA  
 79651 AAACAAATAT GGTGTACTT TATTAACTT CTAAAGTCAA AACTGCATTG  
 79701 AAATTATCTG TACAAAGCCT TGTTGACCTT TATTAGAGAA CTGCCTCTCA  
 79751 AAAGACCTAA AAGACTTATT TGTTGAGATC GAGACTCTTC ATGAGCCAAT  
 79801 GTGATACTCT CCCTCTATTG CTAGATCTTC GCATCAGAAG ACAGCATTCC

Fig. 2 (Forts. 44)

79851 TCTGAAAGTG TTTCTAGTAT CAACAGTGCC ACAAGCCATT CCAGTATTGG  
79901 CAGTGGTAAT GATGCCGACT CCAAGAAGAA GAAAAAGAAA AACTGGGTAA  
79951 GTTACCATCC TTCATCTAAT TCAGAAGCTT ATTAATGCAT AATGTGTTAG  
80001 GCCTTTTTCT TTGGGGCTTT AGTGATCTGC AGTAGTTTAC AAAGGGTCCC  
80051 ATTCAAGCTA CTGAGACCTC AAATGCTGCA CTCATCACCA AAATTGGAGT  
80101 GGCATGTACT GAAAAGCATA CATTTTAATG TTGGGACTAA ACTTGGGTTT  
80151 GAATCACCAC TATATCTAGA CCTTTTGAGG GGCCTGAATT TTCTAACCAA  
80201 TAAAAAGACA GTTAATAGCA ACTATATTTA TTTGTGAATA TCATTTATTC  
80251 ACAGATGTTA TCTAATTTTT CTATAGTATA ACTATACAA CTATGTAGTA  
80301 TAACTATAGA GTTATACTAA AGAAAAATAA GATAACATCT GTGAATAAAT  
80351 GGCTTAAAT AGGGGTTTAT TGTGGGCATA GAGATGAAGG AAAAGTGAAA  
80401 AAATGATGAT GATGGTGATG ATGATGGTGA TAGTGGTCTT GGAGGAAAAG  
80451 GAGAATGGGA GTTAATAAAG GGAAAGAATA AACAATGAAA CTCTCATTCC  
80501 ACCTTTGGAA TCGACAGGGC TTACCGTGTG AATAGTTTCA CCCTAAAAGA  
80551 AATCAACCAC ATTAGTGTCT GCTTGATGTT TTTAACCAAG AGAATATAGC  
80601 AGAAATATAG AAATGCACTT TAACAGAACT GTACCTTAAG TTTGCTAGTG  
80651 ATATAATTTA TGATATTGAT CAATAGCTAA ATAGCCCAGG GGAAGATACT  
80701 GTTACTGCGA AAAATTTAAA AACAATGGAG TCAATGATTT CTTTTAATAC  
80751 CAAAAAATAA ATGTAGATTT TGAGTAAATA CAACTCTGA TGAAATCCAG  
80801 ACATAATTAT CAGAGGATTT TACTGGAGTG CTTTCTACAA ATAATGAAAG  
80851 AAATATCTTT FTATCTTAAA AAATGTTTAT ACAGGTAATA TTTTAAAATA  
80901 CTGATCAGCC TTCATTCCCT TGATTTGTAA TTCCCACTC TTTCATGTTT  
80951 CTGCAAGGTG AACTCTAGAG GAAGTGAGGT GAAXATAAAC CGTGGACAAT  
81001 TTGGCATGGA TXTATAAAAA AACCCACCT TGGCATGAAT GCTATCCATT  
81051 TTGGCAGTAG GCTTTTATAC CTTTTAAAAC AGATTACCTT GTATGTCTTT  
81101 TCTTTGTGTC TTTTCATTTT AATCTCAAAT TTTAAAGAGA TGTAACCA  
81151 CTTTCTGAAT AGAGCTGTAG GGGATACCAA TTCTGGTTTT GAGTAGTCTG  
81201 GGGTTGAAA ATTTGAATAG AAAAATCACA ATTAATGAAG TGTTAGGTGA  
81251 ATTTGATTC ATTTTGCTTT TTAAGTTTGT ACTGTCAGCA GGACATGACT  
81301 TGATTGTAGC GCTAAAGTGG CCATTTAAA CAAATTGCCT TGAAGAGAGA  
81351 AGCATTGGGA ATGGAGATC

Fig. 2 (Forts. 45)



Humane genomische Sequenz

```

1 GAATTCCTGG TGGAGAACAG /CACATGTACA GATGGGGTGA GAACAGCATA
51 CGTACAGGTA GGGGTAAGCT GGTGCTATAT GAGAAAGCAT GGAATAAGTT
101 ATTAAGTTTG ACCTGCTTGG GAACTGAGGG GCAGGTGTGA GGGATGAAGC
151 AGGAGTAGGT AGGGGCTAGA TCACAAAAGA TCTATGCCAG TGTTTCTCAC
201 AGTGTGATTC CCAGCCCAGT AGCATGATAT CACTTGGGAT CTTGTTAGAA
251 ATACAAATTC TTATACATCA CCCTGGACTA GACCACCTGA ATAAGAAAAG
301 TTGGGCATGA GGCCTACAAA TTTTAAAAA AGTCATACAG GTGATTGCAA
351 TGCATGCTAA AGTTTGAGAA AACTCTTTG CTGTGGTTTG AATATTTGTG
401 TCCTTCCAAA ATTCATGTAG AAACCATCTC CAATGTTATA GTATTAAGAG
451 GAGGGACCCT TGGGAGCTGA TCAGATCATG AAGTCTCCTT TCTTATAAAG
501 GGGATTAAAA GCCTTGGCCC TTTTACCCTT TGTCCATGTA AGGACACAGT
551 GTTGAAGCA GGGACTGGGT TCTCACCAGA AACAGAACCT GCCAGCCTCT
601 TGGTCTTGGA CTTCTCAGCC TCCACAATTG TGAGAAATAA GTTTCTGTTG
651 TTTATAAGTT AACCAGTCTC AGGTATTTTG TAATGGCAGC ACAAAGGGGC
701 TAAGAACTG TTCTATGCCC TAACAAGAAA TGTGGTCACT TTCCTGAAGG
751 AAATGGGGAT ATATATAAAG ATGTTATATA AGACTCGTAA TATTTATTTG
801 GAAGGCTTGC TCTGCAAGCA AGGTGGAAGA GCAACATGAA GGAAGCGTGG
851 TGGAGGTGAG AGGACTGGAG GTTAAGTTGG TAGGGAGATA CAGGAAAGAA
901 GCTTATGACA CTTGAGTTAA AATGTAGCAT CCTTCCTATG TGTAGGGCTC
951 ATAAAAATGT ATAGTCTAAG ATAGAACACA GAATACTCTA TGAATCCTGC
1001 CCACAAGGTG TTGGTAATCT AGATTCACTT TTTTTTCTG ATAATGCCAT
1051 CCATATGTAT GGAGCGTCTA CTA CTGCTATG CCAGAGTGAC TCTGGAATCG
1101 GTTTGGTTGA TCTAGACAAG ACCATAAGGA GAGTCCCCTT ACTACCTCTT
1151 CTCCAGGGGA GGGATTCAAG TTGAACTAGT ACTTCAGAGA CTGTTTAGTA
1201 ATATCATGCA TGAAAGGTGA TGGTTAGGAC AGAALLATAA ATGGATTGCA
1251 TCATAATTCC TCAGGTCTCT CAAATATGTG GTGGTCTCAA ACCATGTGAA
1301 TTGGTCTGCA CATCCTGTTT GGGTTGCGTG TCAGCAGTTG AGATCTGAGC
1351 CTTATTTGTA ACAGTGAAAC AGTGAGAGAC CTGCCCTTCA AGAGCTGTTT
1401 TTCAGCTAGG AATAGAAAAG GGCCAGGCTA GACTCCTCTT TCTGCTGGAT
1451 CTTGCTTCTT CTCAGCAATA GAAGTAGACC TGCCCTCCTA GCTGTAGAGA
1501 AAAGGTGCCG GTAGGCGGGC AGGTGAGCCT GTGGATCATC CTGGAGTAAA
1551 GGTTCATATG ACCTTCAAGT CTATCCTACA GGATTCGGAG TGAGGGGAGA
1601 GAAAAGGAGA CGCTTCTCTG GCTGAGAGAG GAAGAGAAAA AAAAATCCCA
1651 GATATCTGAC AGCTATATCT TCCCATCACC ACCTTCCTCT AAACCCATGC
1701 CTCTCTGTTT AGTAGGACAT AAAATGAAGA GTGACCCACC CCCCACCCCC

```

Fig. 3

1751 AGCCCATCCC CCGTTTGTAG GTGTGCTTTC AATGAAAATA AGTCGGTGTT  
1801 CATGGACGGA AACTAGAGCA GCTGAAAATA GATGCAAGAC TTGTTGAGCA  
1851 TACAAATCAT TTCCCCCTTA GTCTCCAAGG GAGGAAAAAA AATCCCTCTT  
1901 ACTCTCCTTG CAGCCTGTGT TCTGCATTCT GGAGAGGAAG CTGAGGCTGG  
1951 TCCTCAGGCG CTCCTCCCGC CGTTCCCGCA GGAAACTTTT CTCGCAGGGC  
2001 CCGCTCCGTC CATCCCGCGC GGTTCOAAGA CCGTGGGCCT CCCGTGGGCT  
2051 CCTCTCCTGG GCAAGGGCCC AGACCCCGCG ACGCGCCTGT CTCTTTAAAT  
2101 TCCAGCTGCG CGGCTGGGAA ACAGCGCCAC TCGCCGCCCA GGCCGGCTGG  
2151 AGGCTGAAGA GCGAGCTCGC GCTTTCGCTC CCGGCTGCGC GCCGCGGAGA  
2201 GCTGGGCTCG GCGCGGGGC TGCTAGGTGG CGGCGGCGCG GGGCGGGGAG  
2251 GCGCGGCCCC GCGGAGGAGG GAAGAAAGAG CGAGCCGGGC CGGGAGAGGC  
2301 GCCGCGCCCC GTCCCGCGCC CGGTCCCGCA CCCGCTCTCA GCGGCCCAAG  
2351 CAGTTTCTTT CTGGGTGACA AGAATGTGCC TCGTTTGGTT TTTCTTTTTT  
2401 TTCTCCATCT CCTTAAGACG ATTTCCATAG TAACCTGATC AAGTGGCTCA  
2451 AAATCGCAA CCTGAGGATT TCCGCGGCC GCGGCAAGA CCTCGGCCAG  
2501 GTAACGCTGC GATCTCCTCC TCTTCCATTG CAAACCGCTG CGCTCCTTGC  
2551 AAAGTTCTTT TTGTGGAAAA TCGCCAGCC CAAGGGAGCC CGGGGTATTT  
2601 GCAACAGCGT GTTCATTTCC AGGTGCCTGT CACGGGTCTC CTCCCTGCTG  
2651 CTTCTCCAGG ACCCATGATG AGATTATTTT TAAAAATTGT TTTTGGTCGT  
2701 CTCCCCCGCC CCCTCCCTT CTTTATTTTT TTCTCTTCG CTGCACTCTT  
2751 CTCGGCTTTT CCCCTGACAC TACTGATGGG GTGCGGGGG GACGTCGGGG  
2801 ATGGGGGTGG CCAGCGCGGT CCTGGGAGTG GCGGGTTCGG ATGGGCTGGC  
2851 TGCGGTGGGC CACTTTGGGC ATCTCGGCGT GGCCTGCGCC GGGGTCACGG  
2901 GGAGGGCTGT CAGCGCCAGG GCGGCGGAAC CCGAGGTCTC CAGACGAGTG  
2951 AGGGAGGGAT GCAGGCTTGG GGGTGATGGA GCGCTTGGCT GGTGGCTGGT  
3001 GAGCGTCCAT ACATCATAGC TCTCCTTCCC ACTCCCCCGC CCCTCTTCGG  
3051 GATTCTCTCT TTCTCTTTCC CCGTCCTCAT TTCTTTCTTC CTTTACTCAC  
3101 CACTCGCTTC ATTCTCTTCC TTCCATTTCC TCTTTTTTTC TCCCCTCATT  
3151 TCCTTTTTTT CCTTTCCTT TTAAAGAAAG GGGAATCGTT TGTAACCTT  
3201 TCGTTCTACC AACGTGGAAT AGCTGTGAAA CCTGCAGCGT GGTACCTCA  
3251 GCCTGGTCGT TTTCAGACCC GTCCTCATCC ATCAACATAT TTGTTTCCCG  
3301 AGTCTATTGA TCTCCCTGAA TTCTACAGAA ATGCATTCTA AGCTAGGCGC  
3351 CTGTATGTCA SAATCAGTTC TGCAGGTAGC TTCCGTGCTC CAAGTATGAC  
3401 ATGTATTGTA AGGGCTGCAT CTGTTTTAAA CCCACATAAG CCATGGGTAT  
3451 AAATAAATGT AGCTTTGAAA AAAAATCTGG CCTTATTCTA GATAAACTTC

Fig. 3 (Forts. 1)

20.02.99

82

53/77

3501 CCTCTTAAAT TACTGATATA CTCTTCTCCC TCTTTGACAT TTAATTTTAG  
3551 GAAAGTTGGG AGACAGGTTC TTGTCCTCCA GTTTTAAAGG AGCAGGCAAC  
3601 TTCTATTATC TTAATTTTCT CGTCTTTGAA CATCACTCAC GTTTGCACTA  
3651 CCCAGTCAGT GGAACGAGTG GGCATAATT AA

Fig. 3 (Forts. 2)

## Humane genomische Sequenz

1 CCTGCATTAT TGTTTTTATC /TGACTTCCAA TTTTGGTGT CCCTGGGTGG  
51 GTGGGTTTTC CTGACACATT TACAAGATGC TTTTGGCAGG TTGGCTGGAA  
101 TTTGAAGGCA CATTTAATTG TAGGTGCAAT AAAATATTCA TTTTCTCTTG  
151 TTCTTGTTT GAGATGTCAT GCCCTTTTGG TCACTTATAT TTTGGTGTGA  
201 CTGTGTGTGT GTGTGTATGT GTTTGTGTGA AGGATTAAAC AAAGTCTGTT  
251 CTAAGTGTCA TGTGATTTGA AGTTAAAAGG TATGTTAGTG ACAAGCCACA  
301 AATTTCTCTT ATTTATAGTA CATTGATCCT GAAACCATT TTTCCCTTGT  
351 GATTTCTTCT GTGCATGGAT CATTTAACGA AAGGTTGGCA ATGATGAGCT  
401 ATTTTTTTTAT AATAGGAAAA AAATTCCTCA AGTTTACTTA CCAAGTCATA  
451 TTTTATACAG GAGGGATTAG CAAATATTTT TGATCTAATA TTTTAATAGA  
501 CTGAATTGCT GACCACTGCT AATTACCAAG AATATATTTT CTTAATTCTG  
551 AAATTGCTGT ACCTCTCAAG TTGTCTGGAG GACTCCAAGT GACCCAAGT  
601 GTAAGTCATG GCAACAGGAA GTGGTTGTTC TGGGTGCAAG CTGAAGTGTG  
651 CACATGGACC CGTACTTTGT TAGCACTCGG GCACTTGATA TGGAAAGAAT  
701 TAATGTACTG GCTTTTTTGT ATAGATGAAT GTTAAGTTTC TGACATTAGT  
751 CAGAACTACA TCTCCCAAGC CTGTTTTTGC AGTGTCTGTC CCTTTGCTCT  
801 TCACTTACAG TAAGTCCTTA CTTAAGTAC TTGATAGGTT CTTGGAAACT  
851 GCAACTTTAA GCAAAAGGAA GTATAATGAA AACTTTTAT CACAGGCTAA  
901 TTGGTAGAAA CAAGACTTAA GTTCCCATGG CATATTTCTG GTCACAAAAA  
951 CATTTCCTAA CTTCTCAAAA CACTTCAATA TTAAGCATT AAATACATGT  
1001 AAAGTATGTA TATATGTAAG AAAGGTTACT ATAAACCAGA TCAATATTTA  
1051 CCCAATTATT TAAGTTCAGG GTCTTAGGTG GCTGGAGCCT ATCCGAGTAG  
1101 CTCAGGGCAC AAGGCGGGAA CCAGCCCTAG ACAGGACACC ATCCTGTTGC  
1151 AGGGCACGTT CACACATGCC CACACGCAGG CTGGGACCAT TTACATGTGC  
1201 CAATTCACCT ACCATGCACA TCTTTGAGAC GTGGCAGGAA GCAAGAGTAC  
1251 CTGGAGAAAA TCCATACAGA TATGGGGAGA ATGTACAAAC TCCACCCAGA  
1301 CAGTGGACCC AGCCAGGAAT CAACATTTGG GCAACATTAT AATGAAACGA  
1351 AGTTGAATGA AATGATGTCT TTCCACGACC TGCTGTACTT GAGGGGTGTT  
1401 ATAAAATTCT CAGAAGACAG AGGTTTAATG CTATCTTTTT AATAGAAAAT  
1451 AACTTATAGA GAAGTGTGCA CATGTGACTT TGTGTGTAGC AGGAATCATT  
1501 AGGATGAGAA TCAGACGTAA GAGGTGTGTC CAACATGAGG AATGTTGAGA  
1551 TTCAGGGAGC TGTGGATGGA AGTAGAAGCC AGAAGGCCAG GGTAGGTTT  
1601 CTACTTCTTA CTGTTTCAGT TATTGCAGTG TTGGCCTGTT TATTACAGA  
1651 TGTCACCTAG CTTTGTTTTC TCAAGAAGAA AAATGAGCAT AATCTTTCCT  
1701 GTTATGAATT CTAAACACA CAGGACATAA CCACAGACAC AGAGGTGCAC

Fig. 4

1751 ATATGTAGCA GTAATGGATA CTAAATGATA CACTCGGAGG AAACAGAAAA  
1801 GACTTCTGAA TAGAGACTGG AGATACTTCC TTGGACCATT GATGAATGGG  
1851 CAATGATGCA TTTTGTCTT CCATTCAGAA GGCTAATATA TTGCTCTCTA  
1901 TGTTCATATG ATAAAGGCAG TATATGCTCA AGGATGAATC ACATAATATG  
1951 CATAATAAAT CCAGCAAGCA TTACCTTTT ACTTATGTGA CTGCAAGTAG  
2001 GAATACATTT CCCCCACTCT AACCATGTAA GATTTCTTTC CCTTCTCCCA  
2051 TTTTGTAAGC AAAAGTAAGT TCCTGAAAGG TTAAATGGAC CTCAGGATGG  
2101 GAAAAATCCC CAGAGCTATC TTTCTGCACA GACTTCATTT TTTCTCCCAA  
2151 GTCTGACTGT CAACTGCGAT ATCTGATATG AGGCTCTGGT GCTGATGTTT  
2201 CCATAGGTCA TCATCCTTCG GTGTCCCAGA TGAAGTCTCA GGTGGAACAT  
2251 TGCAATAGCA CAGATTCTGA ATTTAATGCA TCATTAAAGT TGGTTATGTA  
2301 ACCCAATGGC CTGTGTTAAAC TCCAGATTTT TAAAATTATA TGTATTTACT  
2351 ATTCTCTTAT TTTAGAATGA TCTCACAATG TTCACAAGAA ATAAGCCCAG  
2401 TCCCTGCAAA GACTTTAAAA GCTGCTTGTT CACATCATTA GATTGTACAA  
2451 CGCTTGTAACA ATGACACTTT TTGCTAATCT ATGCAACATT TTTGTAACAA  
2501 TTGTGCACAT TTTAACTACT TCAGATAATC AGGACCTAGA GACTTCAAGA  
2551 TCTGGAAGCA TTGCTGGTGA CATAGAGCAA AAACCTTCTT GAGAATAGGA  
2601 AGTCAGTGTT TTGACAAGTG ATTTATAACA GTTCAGGTAT AGCCAGGAAG  
2651 GTTTGAAACA AACCTTAAGT ATTATTTCTT TCATCTTGAT TAGTATATAT  
2701 TTATATGTGA TCTATTTATG TATATTAATA GATTTTGGG TCTTATAGCC  
2751 AGCTTTCATT TTTCTCTATT GGAAAAGATC TAAGTCCCCA TCCTTCCTTG  
2801 GTGGCTTTTG GTAGGTTTGT AGACAAAACA TTGAAGAATC AATGGTACCT  
2851 TTTATACATT AATACTGCCA ATATGACCAT AAAATCATAT TTTTGGGAA  
2901 TTTATTCCCC CGATCAAAAG AAGCATTGT TATTGAACAC AGTCTTATGC  
2951 TACCTTATTA AGATGTATCA AACACCCTGA TTGATCAAAA ACACCTCAGT  
3001 CCATTTTAAG GCAGTATTGC CCAGCAATTA AAGATGTAGC TTCTGGAGGA  
3051 GTCTTTCTGA GTTTGAATTC AGTACTCTC CACGTACTAT ATAGGTGATC  
3101 TTGGGTAAAC TTCTTGAGTC TCAGTATCCC CATCTGTAAA ATTGTTGTAG  
3151 AGAAGAATTT TTGTGATGAT TAGGTGAGAG AATATATTAA TGTAATATTT  
3201 AGGAGAGCAA CCAGCATGTA GCATATATTC ATTACATATC AATTCTATA  
3251 TTATTGATGT TCATACTGCT GATGTTGAAA TGCACAGGAA GGCCACAGTT  
3301 ATTTTCTGTT TAGATTGATT TTTCTTTTAA AGTCTGAACA TAACTGTAA  
3351 TACTGTGCTT ATTTATGTAG GAACTGTGAT CTCGTCTCCT CCTTTTCCCA  
3401 TCTCCCCCTC TCTACCTTAG TTTTTCCTTA TAGTCTCAAG CTGAAAACAA  
3451 TGACCAGGTG CCTAAGAGAT AAGAATACTC TTTCTTTTGA ACTCATGGCA

Fig. 4 (Forts. 1)

3501 TTAGCAGTGA CCTGGATGAG ATTGGAGGCT ATTATTCTAA GTGAAATAGC  
3551 TCAGGAATGG AAAACCAAGC ATTGTATGTT CTTACTTATA AGTGGGAGCT  
3601 AAGCTATGAG GATACAAAGG CATAAGAATG ACACAACAGA CTTTGGAGAC  
3651 TTGGGGAAAG GGTGGGAAGG GGGTGAGGGA TAAAAGACTA CAAATAGGGT  
3701 GCAGTGTATA CTGCTTGGGT GGTGGGTGCA CCAAAATCTC ACAAATCACC  
3751 ACCAAAGAAC TTACTCATGT AACCAAACAC CACCTGTTCC CCAGTAACCT  
3801 ATGGATATAA AAAAATTAAA AAAAAGAAAA AAAGAAACT CTTTTTTGCA  
3851 GGGGGCAGGT AAAGGGTAAG AGGGCATCCC ATTTTGTAGT TTCTAGAAAA  
3901 GCTT

Fig. 4 (Forts. 2)

57/77

## Humane genomische Sequenz

1 CTGCAGGAAG CAGCAGCAAG/GTCCAGGGAG CCTCTAATTT AAATAGGAGA  
51 AGTCAGAGCT TTAACAGCAT TGACAAAAAC AAGCCTCCAA ATTATGCAAA  
101 TGGAAACGAA AAAGGTAAGT GTTTGTTACA TCATTATGAC ACAAGTCCAA  
151 CATGAGTCTT GTGAATTGCA TGCTAAATCT AATATTTGAG CAGCGTAACA  
201 ACTTTGGGCC TAGAGATGTT ATCAGTGGAG TTTCTTTATG TTTCTTAAT  
251 GTCCCCTCCT GACTGCCAGC TTTCTTATCT GAAGAACATT TTAAACAAAT  
301 AAATCATTC ATTTTAAAGT AGTTAGTTAT ATATGCAAGT ACAAATACTG  
351 TTTCTCAAAA ACAGGTCCTT CCAAATGCAT GTAAATCACA TTTTCTTATG  
401 TCTTTTATG TTTTGTAAAA TGTATCCTGA AATCATAAAG CCATATTGAA  
451 TTTATCTGAA TCCTTAACTT CAGTTAAGGT AAGAGCCATA AGTGTTTTTG  
501 ACAATTAAGG TTGGAGCATC AAAATTTGAA ACATAATTAC AGTAGGTTTT  
551 TATCTTTGCA AGCAGCAGAT CCCAGAGATA TTATGACCTC AGTTTTCCCC  
601 AAAAGACAAA TTATTCATAT TTGTTTTGTT TTCTTGAATT AGTGCATAAT  
651 ATAAATATCA AATCACAAAA TCAAGGACAT TAAATGAAAG TGTCTGTAA  
701 AGGCATATTA TAAATGAATC ATAAGCCACA CAGTTCTCTG TGATGTACGA  
751 AGTGGGCATT TAAAGAGGTG CTGATTTGAT GCTTGTCCT GAGTAGCAGA  
801 GAGGACGGGG ATGAGTATGT GTAGTTTACA CCTCAATCAT GAGGAAGTGA  
851 AGAACTTGTG CTGTTATAAG TAGTATGGCT GTGTGAGGAA CTAGGGTGT  
901 CTGCTGGATT TTGAGGAAGT ATTTTCAAAT CAATAGAACT TCAAACTTTT  
951 CTTCAGAGTG TTGGGCTCTA CATGGAAAAA CACATGAAAT TAAAAAGTGG  
1001 CACAAATGTT TAGTTAGTAG AACATCTGGC TAATTGGGAT CAAATAATTC  
1051 AACCATGTGG GAACGTTTTT GCTCAAAATA GATAATTGTG AATTGTTTCA  
1101 TATAGGCAAA TGATTAGACA ACTTCCTCTT CCTCAAATGT GAACGGACAG  
1151 ATGTGATCTA GAAGCAAGAC ACTCTTTTGT GTAAATATTC CCTTTGGCCT  
1201 AAAGCAAAAG TGGACAGACT TTAAACACCT GAGAGCAGAG CAGTGTGTGT  
1251 TAAGATTGCA ATATCTTAAG CTCTTGAGTT AAATGGAAAA TGAAAAACAA  
1301 AAGTGTATAT TTGGAAGTTA GGAATGTTTT CTTTAAAAATA TAAAAATAAA  
1351 TTTTAGATTT AAGATCACAA GAAATATTAC TGAAGACTTA TACTCTTCCT  
1401 GGGGCTAAGG GAGGTGACAG TCGCTCATCA GAAAAAAAAA AATGCCCTCA  
1451 TTTCTTAAT TTTCTAAAAA ATATAATACA AGTTCAGGCT AATACTTCCT  
1501 GTATATGTGG GAAATTTCTA GGGGAAGCTA ACAGGCTTAG AAATAAAGAT  
1551 GTGTTAATA GACTACCAAA GTGTCCAATT AAGCAACACG ATACCACCGT  
1601 TATTGATATT CTAGCAAGAA ATTACTAGCA ATGTTTGTA AATAGACTTAG  
1651 AAATGCATTT GATGAATTAA CACTTTTATA TCTTAATTTA TCTGAATTTT  
1701 TCTGTAATGT GAAATGTTT TATTTAACTT ATTTCTGGCA TCTATTAGTA

Fig. 5

58/77

1751 AAATTCTGAT GATATACAAG CATTAATATT TTTCCATGGC CACTCAATTC  
1801 ATACATACCT TCCCTATCTA TGCTTAGAAG GCAGTGCAAA ATTAGATAGT  
1851 AGCAATATTG ATTATAACCA CAAGGTGGAG ACAGATGTCA TGTAAATATGC  
1901 AGTCTGCTCA TATAAAGCAC ATTTTCTTAG ACAAGAGTTT TCATACGATA  
1951 TAATAAAGAC ATCTGGAATT TGTCTTGTAT GCAATATGAA ATTTGCTATT  
2001 AAACGTGGAG TTAAAACTTT ATGTCAATAG ATCCAATAAC AATGTTTCATA  
2051 AATTAATCAT TATGTCATGC TGTATTTCCA AAATACTATC TTAAATTATA  
2101 AGAGCAAACG AGGTAATAA

Fig. 5 (Forts.)



59/77

## Humane genomische Sequenz

1 [GTACATTTTT TAATAAGAT] GTTTGTTTTA ACTTTTTGAA TATGAAGATT  
51 TCTAGTTCTA GAATAATGTT TATAAAAATA TACAAATCCA TCTGGTGATG  
101 AGTTGACCTC TATCACAAC TTTTAAACT TACTGTATTA TATTGATAGA  
151 GCAAGGTGAG AGTTAAGAAC TTTTAAACT TACTGTATTA TATTGATAGA  
201 ACTCAGAAAG TACTAACTTG AATATTATTA TTCTAATTGC TTTTCCCTTT  
251 TAGTTATTAA AAATAAGAAT ACTTAAATTA ATAACAAGAT CTTTACTGCG  
301 CAGGATTAAC CAAATTATCT GTAATGTGTT CCTCGAATGC TTTTAAGTGG  
351 AAATATACTT TATACATTCT TTAACAAC TCAGAGGATG AGTTACATAA  
401 ATCAGTTCAG GAATCTATAG AATCTGTAAT ACATAGTAAA GGTATTATTCA  
451 CAATTAAAAC AATTTCACTT CTATATTAAA AAAACAAATT GTTGAAAGTA  
501 CAGTGGCTTT TCATATGTAT GATTTGTAAA ACAAATTAGC TTTTAAAG  
551 TGATGTGACG CTTAATGAGA AGAAATCAGT AGAGAATTAC AAACGCACT  
601 TCAAAAGATA CATCTAATAT CATTTTAATA ATGAAATTTG AAAAAATAGT  
651 GTGCTCGTTT TACAGTCTCA TTAAATGAAT TAAATATCA GCACACATTG  
701 TAGTAGGTTA TCATTGGCAG AGAAGGCTGA AATAGAAACG TTACAATGGG  
751 ATGCACTGCC ATCTGAACAT TATGTCGAAG TGGAACGCGG AAACATATTT  
801 CTCAGAACAA GTGGTAAAAT GAAAACAGCA TCATTGTGTA AGCATTCTCT  
851 TTGAGAGTGC TTCAGTTTCT TCTCCTGATG ACCTGCCATT CAGAACTGA  
901 CAATGAATAA TACACTCTGA CACCAGCATT TGTCAATTG CCCAGAACCA  
951 TATGAGAGTA CTCTAGACAG ATATATGTTC CGAAGTAAAC CGAATACCTG  
1001 TTAAGTGTAA ATCAAATCTT GTAGAAACCA TGCCATGGTT CCTTTGGACA  
1051 TATACTTTGC ATGCCTGAAG CAAGTTACCT TAAGAAATCA TTCTTTTGTT  
1101 TTACAAAAC TGTATTAAAA AATTAAAAAT GCAAAAAGC TTAATATTAT  
1151 TAGGAATTTA TCCATAGCTT TATTGGAAT CCAGTTTCTT TATTATGATC  
1201 TATAAACATG CATCATTGTA TGGAGTTCCT TAGTGGAGAG GTGTTTTTCC  
1251 ATGTTGCTAA GAAACATGCC CCAGCACCAG AAGGGATACT ACCTACCATC  
1301 TTTTGGCCAT TTCTACCGT GATTCTTACA TTGTACCTGT TACTCACTG  
1351 AACAGGGCTT CCTTCTCTTT GTCTAGATTC TAATCAGGTG TCTTCTGGTG  
1401 TGGAAGCTTT GGCTTTTATT TACACACAAC ACAGAATTAA TAAGATAGAT  
1451 GCCAAGGATT TAGCAACATT TTAATTCAAC ATTATACAGG TATCAGAGTT  
1501 AATGAGAATT ATGCATTAGT CTTTAAATTT GGGCAGCTTA TTCAGCTAAA  
1551 ACATAGATGT CTAGCTCTTA AACACTTTGT TTTTAAATT ACTCTGAAAT  
1601 TACAATAAAG TCAAAGAACT GAACTGTTTT CTTTCAAGC CAGTGCAAAT  
1651 GTGCTTTAGT TATTATTTTA CTGGTGATCT AATTATGCAT TTTAATGCTT

Fig. 6

60/77

1701 TATTACTTAA TACTTATATA AGCCTAAAAT ACGTTGTTAA TGTCATAATT  
 1751 TCAGGGATTT TAGTATTCTT TCCATGAGTT ACCATAACTA GGTGCATATG  
 1801 TGTAATATATA CGTATATATC TATATCTATA TATTTATATC TATGTATATA  
 1851 TCAATTTATA AGACTAAATA GACTTGGCCA TATGTGTTGT TGGTTTATGC  
 1901 ATACATGCAC AAATATTGAG GTGTCCACAA AGTATATATG CCTGTACATA  
 1951 AATTACATAC TGGCTGGTGA GTGAATGTAA GCTTCTCTAA ATTGTACAAC  
 2001 TCTCCACAGA GTGGCACTCT AATATTGCAA AGGTACAATA TAAGCATGTG  
 2051 CAGAATGAAC AGCTCTTCTA GGATCCCTAT AAAACTCCAC CCCATGTTTC  
 2101 TGT

Fig. 6 (Forts.)

61/77

## Humane genomische Sequenz

1 AAGCTTCATC CCAGAGGGGC ACTTGCCAGA TGCCTGCTAG AGCTCTCCTG  
51 TATGAGGAGT CTATCAACAC CTGCTGGGAG GTGTCTCCTC GTCAGGAGGC  
101 ACGGGGGTCA GGGACCCACT TGAGGAGGCT GTCTGTCCCT TAGCGGAGCT  
151 AGAACACTGT GCTCGGAGAT CCGCTGCTCT CTTCAGAGCT GGCAGGCAAG  
201 AGTGTTTTAG TCTGCTGAGC CTGCGCCAC AGCCGCCCCT TCCCCCAGGT  
251 GCTCTGTCCC AGGGAGATGA GAGTTTTATC TGTAAGCCCC TGA CTGGGGC  
301 TGCTACCTTT CTTTCAGATA TGCCCCGCCC AGAGAGGAGG AATCTAGAGA  
351 GGCAGTCTGG CTACAGCAGC TTTGCCAAGC TGCAGTGGGC TCTGCCCAGT  
401 CCAAAATTCC CAGCGGGTTT GTTTACATTG TGAGGGGAAA AGCACCTACT  
451 CAAGCCTCAG TTATGGCAGT TGCCCCCTCC CCCACCAAGC TCCAGGGTCC  
501 CAGGTGTCCT TCAGACTGCT GTGCTGGCAA TGAGAATTTC AAGCCAGTGG  
551 ATCTTAGCTT GCTGGGCTCC ACAGGGGTGG GATCCACTGA GCTAGACCAC  
601 TTAGCTCCCT GGCTTCAGCC CCCTTTCCAG GTGAGTGGAT GGTCTGTCT  
651 CACTGGCATT CCAGGTGCTA CTGGGGTATG AAAAAAAAAA CTCCTGCAGC  
701 TAGCTTGGTG TCTGCCCAGT TTTGTGCTTG AAACCTCAGG CCTTGGTGGT  
751 GTGGACACCC AATGGAATCT CCTGGGTGTC ATGTTGTGAA GACTGTGGGA  
801 AAAGCATAGT ATCTGGGCTG GATAGCTCCG TCCTTCAAGG CACAGTCCCT  
851 CATGACTTCC CTTGGCTAGG GGAGGGAGTT CCCCAACCCT TTGCACTTCC  
901 CAGGTGAGGC AACACCCAC CCTGCTTCTG CTCACCCTCT GTGGGCTGCA  
951 CCCACTGTCT AATCAGTCAC TGTGAGATGA GCCTGGTACC TCAGTTGGAA  
1001 ATGCAGAAAT CACCTGCCTT CTGTGTTGAT CTCACTGGGA GCAGCAGACT  
1051 GGAGCTGTTC CTATTCAGCC ATCTTTCTCA GGTCATAATC ATAGATTTTT  
1101 AATTGATCCC AGCAACATGG ATTAGTAAAC AGCATATTTT CAAGTGATTT  
1151 TTTTTTATTT TAAGGTCAAA TCTACAAAAT ATTATAGTGT TATCACCCT  
1201 TAAAATTATT ACTGGTGATA CTATGTTTGT CTCTATTCAC ATTTTATTGC  
1251 TAGAAAGAAT TATAATTTGT AGATAATAAT AGTTATTTGA AATGTATTAC  
1301 ATATCCTTTT ACTTTTAAGA AGAGGTGACT TAATTATCTA GGTATACAAT  
1351 TATTTTGAGG AACTAAATG TCATGAATAG CAAATTTATC ATATTGCTTT  
1401 CCTAGGTGAA GACCCTGAAA CAAGAAGAAT GAGAACAGTT AAAACATAG  
1451 CAGACTTGAG GCAGAATTTA GAAGAGACTA TGTCCAGTCT TCGTGGGACT  
1501 CAGATAAGCC ACAGGTTTTT TTCAATTTTG CATATATTTG AGCCAATAAA  
1551 GAAAAAATAA TTACAAACAA ACATTTAACT TTTCTTATAA TGACAGAGAT  
1601 GGGATTTTCTG TTTCCCTTA CTATTTTCTC CCTGTTTTTA TATCAAATTG  
1651 ATTGGTAATT ATCCTTAAAC TGAGAATTCA CAGTATATAC CTATTTATCT  
1701 TTTATCTCTA TCTCTATCTG CTATTTATGT CTTTTTCAGT ATAATTCCA

Fig. 7

62/77

1751 GTACTGCAAC TACCACCATC ACTGTTAAGT GGATTGTAA TACCTGTCCT  
1801 AGAAAACAGT GGCACAAGTT GCACTTGAAA TGCATCTGGG CAGGGTAGTA  
1851 GGGAGACATT CAAACATAAT TGTAAGTTAA TTTCAGAATA GGTCTGGGAA  
1901 GGTACAGTG AGTTAAGGAT TTGTTGAAAA TGTAACAA TATGTTGTTT  
1951 TACCCAAGGT GTACTGATGG CCTTTCTTTT GAAAACAAAC GAAAAGCTAT  
2001 AAAATGTATG CCCCTTTCCA CAATTTGACC TCAAAATGAA TATAGAGTTT  
2051 AGCTTTCGGG AAGATGACGT GTTTATAAGA GATGACCCTC AACTCCAGCC  
2101 TTTTCTGTCT TCATGCATTC TAGATTATGG CCCTAAGTGA ACCAGAGTAT  
2151 AGTTATTTCT CCATTTTATT TGACAGCACC CTGGAGACAA CATTTGACAG  
2201 CACTGTGACA ACAGAAAGTTA ATGGAAGGAC CATACCCAAC TTGACAAGTC  
2251 GACCCACCCC CATGACCTGG AGGTTGGGCC AGGCATGTCC GCGACTTCAG  
2301 GCGGGAGATG CTCCCTCCCT GGGTGCTGGC TATCCTCGCA GTGGTACCAG  
2351 TCGATTCATC CACACAGACC CCTCGAGGT CATGTATACC ACGCCTCTCC  
2401 GTCGAGCTGC TGTCTCTAGG CTGGGAAACA TGTCACAGAT TGACATGAGT  
2451 GAGAAAGCAA GCAGTGACCT GGACATGTCT TCTGAGGTCG ATGTGGGTGG  
2501 ATATATGAGT GATGGTGATA TCCTTGGGAA AAGTCTCAGG ACTGATGACA  
2551 TCAACAGTGG GTAAGTAACC CTGTTCTCCG TCAGCATTGT GTGAAGAGGG  
2601 GAGGTGGTCT ACTATAATGC ATTCACTATA AACAAATGTG TAAGTTTGCC  
2651 CAGAAAGTCA TGAGAACATA TGAGATATCT GAGGTTATTC AGAGTGTGTA  
2701 AGGGCCCTTC CTCTGCTCAT TCATGGAGAG TAAAGAATCC AAGATTTCTA  
2751 TAAATTCATT ATAAGCCGCT AAGTTTTTCT GTTGTGAGA GAAACACATG  
2801 TGGCTTCTGT TTTTCAGAGT GATTTTCACA TGCTTCTTAA GTAACAGATT  
2851 TTGTAGTTAA GGACGTGGGA AGGAGACAGG AGGAGTTTGG CTGATTTGCT  
2901 TGATTTTTTT TTTCTTTTTT AGCTTGTTAG AAGCGGCTG TAACTGCTTT  
2951 GAGAAACAAA TATTTTCTTA CTGTCTTCAA TTATGCATCC CCAATTTAAC  
3001 TTGAGGGAAA AATCACTTTG GAGTTGAAAG TTTCACCTA TTCATTTTCT  
3051 TTTGATGGTA TCAGATTTCA ATACATCTCA GACCCTGTTT TTCTTCTGTG  
3101 TCCTATTACA TTCCAAAACA TGTGTGATT GTAAACTCT TAGAGTATAT  
3151 TAACAATTTG GGATATTTGG CATAATCAGA GAATAGGTCC AAAAGGAGGC  
3201 AATAGGATAT TCTATTAATA ATGTGAATTG CCATTTTATG CATTTCTGT  
3251 TATGTACTAT GCTCTGTGCA AGTGCTTTGA AGATAGTGT TTACTTTTCC  
3301 TTCCCACCAC CAGCAATGTT TATGAGGTAG ATGTTTTAT ACATGTTCTA  
3351 TGGATAAGGA AACTGAGTCT AATTGGCCCC GGCTGGGAAC TAACGCTAGG  
3401 GAAACGGCAG ACCTGCATTA GAACTCAGCT ATGTCTGACT TCAAACACAG  
3451 GCTCAGTAAT ATGTGAAAA GCTTCCCAAT TAACTTTGTC TATAAACTTT

Fig. 7 (Forts. 1)

63/77

3501 GTGTGAGTCT GGATTTTGAC TTACTCTTTG TCTTTACGCA TCTGAGAGGA  
3551 CCCATGTAGG AAATAATTCT TCTATATAAG TGACCCTTCC TGACTTCATT  
3601 CATGAAAAGC TTATGTTTGA AGGGTGACAC GACCTAAAAA AGAGTACAAA  
3651 ATAGCTTTTG ATTACATTTA TAGCTTTGCT CTGATATCCT AATACCTACT  
3701 AGTCCATTCC TGGTATCCAC CCTACCTGAC TTTCTAAAAA TTTAGAATTA  
3751 TAGAGACTAA TTATGATTAA TTAAGATAGG TTGTTGTTC A GTTGCCACTG  
3801 GATTCAGAGT GCCTAGTTTG AATCTCTCCC ATTCACTATC TGTGGACCCC  
3851 TTCGGAACCT AACGTATCCA AATTAGTTTT TGTCATCTAG AATAAGGATA  
3901 AAATTGTACC ATCTTCATGA AGTTGTTAGG ATCATCCACA AATTTTAGTT  
3951 TGC GCAATGC TTGGCATGAT ACAAGCACTC AATAAATT A TCATCTTCCT  
4001 CTTTATCATC ACTATTACAT TTATTATCAT TAATAACCAT ACCAATTTTT  
4051 GGTTGTTGTT AGTTATAATT ATCATTTTTG TATGTATTTA ACATAGCCTA  
4101 GGAGGCAATG CCCAGTTCAG AAAACATAAT GGCAAAGCAA GAGTGTCTAA  
4151 GGCACACTCT TTCTCCCATC TCTCTCTTCT TTCTTCTCCA TTCTTTCCAC  
4201 TCTATCCCCT CTTCTCTTTT TTTTCTCAAT CTCCTTAGAT GTGGACATAT  
4251 GTGTGAATTC

Fig. 7 (Forts. 2)

## Humane genomische Sequenz

1 TGTGGGTGTG GGTGTGAAGC ATGTGTATGT GTGTGTGTGA AGCATCTCCC  
 51 CACCTGTAAT GTAAGTCCAT GAGTGCAGAA TTTTGTACAT ATTCTTTACG  
 101 TGTTGAGTTT TAACAAATGT TTGTGGAGTG AATGAACAAA TTAATGAATA  
 151 TAGGCTATTT ATTAATTAGG CAATATAGTC ACATAGGCTG GCAATCGCAT  
 201 CTAATTAAT AGAGTGGTAA ATGAGTTCCA GAAAGAACTA AGGTACTACA  
 251 AGGATGTTAT GAAAGAGAAA AATGAGTTAT GTGAAAAATA GGAGACAGTG  
 301 ATAAGAGGGA AAGAATCCCA AAGTGTGGGC CACATTTTGA AACTAATGAC  
 351 CTATTATTCT ATTATTGTTA GCTGAAAGTA GAAAACGTCA TGGGAGGGAA  
 401 TATCTGCTAG TTTTGGTAA AGGATGTTGT GATGGCAGAA CCAAGAAATG  
 451 AACACAAGGT GACTTTGGTT TGGGGACAGT GGGATAATCA ACTCTCCTTG  
 501 CTCCATCAGG GCCCCAGACT GGGCTCTGGC AGAGGAACTC AGAACAACGT  
 551 AAAGACCTAG ATAGGTATCT AATAAATTGG GACCTGTGAA AACAGTGCCT  
 601 CTTAAAGTGT GGTACCTGGA CCAGCAGCAG CAGCAGCAGC AGCCATTGAA  
 651 ACTTCATAGA AAGACAGATT CTCAGCTTCA TCCAAGACTT ACTGAATTAG  
 701 AATATCTCAA GGTAAGGCCT GGTAATCTGA GCTTTAACTA GCCCTCAAGG  
 751 TGATTCTTAA GTTCAAGCAT CACTATATTA AGTTGAACAA ATAGATGCCA  
 801 GGCCTATAAA TACATGTAAAC GCCTAGCATA AATATTTCAA CATTAAAAAT  
 851 GACATTTTCAT AGTTCTTATT TACCCTATTA GCTGTGTTCT GTCAAGATAA  
 901 TGAGAATATT GATATGTTAG AATACACTGA TGCACATAAT TTAAATTAG  
 951 ATCAAATAAT GACTTGTTAT ACCTGAAATA AATTGGTTCA GCTTGGTAGA  
 1001 TGCAGTTTTT GAGAATTATA TAAGTCATTT TAAAAGAAT AATTTTAACT  
 1051 TGAGCTGCTT GCATAAATTA AATTGCAAAA AGGTCATAGT ATAAATCCTC  
 1101 CTATTAGCAG AGATAGAAGG TTTTAAAAA AATTACAGAT AAGTCTGAAG  
 1151 GTCTTTTAAA ATCTTATATT CAGGAAGTGA CTCGGGATGT ATATCATTTT  
 1201 AAAATACATG GTCTTAAATG TTGTAGTTGT ATGACTCTTT CAGTTAATTT  
 1251 AAAATACTTC CTTCTATGAA AAATTGTTTC AAAAATTTTT CTAAATTCTG  
 1301 TTATCCATTT CAAGTAGGAT AGGCAAGAAC AGATATAAGA TACTACTTTT  
 1351 TTGTTTCATGT TTAATAAAAA AAAAATTACT GTAATTGAGA TCATGTAAAA  
 1401 ACATGTTTCC TGTCTATTTG TCTTAACCTT TTAATCCTGG CACCTTAAAT  
 1451 TTGACATAGT AGGAATTAGA AGACAATTGC AGAAAAATGTC AACTGGGGAA  
 1501 ATTTTATTCT ACTAAAACT ATGTCCATAC AACATAGCAA ATCACATTTT  
 1551 AAAGGCCAAA AAGTCTTTCA TAGCAATTTT TCAGATTATT TTCAAAGCAT  
 1601 ATCTTCTCTC TGCTCCTGCA GCATGCCGTT GATTTTCTG TTATGCAGTC  
 1651 ACATAAGTAA TTACATGTTT ACATGTCTAT TCACTCATA GAACACGAAA  
 1701 CAGTTAAATG TAGAATAATA TCCAATCCAT CTTTTATCA CCACTAGCTA

Fig. 8

65/77

1751 GCATACTGTA GGAAGTCAAT AAATATATCA GATAAATTGT GGAAATAACC  
1801 ATATCAGCTT ATAACATATA GAAATGTGAG TTTAAAAAGA AAACAATTAT  
1851 ACATATGAAA AAATTTTTAT ACCATTTTTT TAAAGACCTT TCAGATGTCA  
1901 TACAGTTTGG ACTTTTCCAG TGTTCCTTGT ATCATGAGAC AATAGTAGAC  
1951 ATTGTAAATC AAAAATAGTT TTCTGGGGTT GTGTACATTT GAAAAAACTG  
2001 AATATCATAT CTGTTCTTAG AGAGTAATGA TGGATATTAA CATATCAAAG  
2051 GTACAGAGAA GTCTTAAAGT TCAAAGTAAC ATCTGCTTAA TTGTATTTAA  
2101 TTCAGTGCTC CATGAGCTTT TTTATCACTG ATTCCCTCCC TTTTTTCTCT  
2151 TATGATAATA ATTAACCTGT TCCTGTAGCA TTTTAAGAAA TGTTGATTTA  
2201 GTTGAATGCC TTCACTTCTC CAATATAATA GCAGAACTC AGAAATATTT  
2251 ATTTACCCAG AATCATGCAG CTAATAGTAC AAGGATTCAG GTCTTTTACT  
2301 TCCTATTTTG TGGTTCCCAA CTACTTTTGC CAAAGGTCTT TTAAATAATA  
2351 TGAAACATAT TAGTGATTGA TTCATTATAG TAAATGGGTA AATGATAAGG  
2401 CTTGCAATAA TTCACTGACA AGAAAGCTT

Fig. 8 (Forts.)

## Maus cDNA-Sequenz

1 AAGCCACAGCACCTGGAGACAACCTTTGATACGACTGTGACAACTGAAGTGAATGGAAG  
 S H S T L E T T F D T T V T T E V N G R  
 61 GGCCATCCCCAACCTGACAAGCCGACCTTCCCCCATGACCTGGAGACTGGGTCAAGCGTG  
 A I P N L T S R P S P M T W R L G Q A C  
 121 CCCTCGTCTACAGGCTGGAGATGCCCCCTCCATGGGCGCTGGATATTCTCGAAGCGGTAC  
 P R L Q A G D A P S M G A G Y S R S G T  
 181 CAGCCGATTTCATCCACACGGATCCCTCCAGGTTTATGTATACCACGCCTCTCCGCCGAGC  
 S R F I H T D P S R F M Y T T P L R R A  
 241 TGCTGTCTCGCGTCTGGGAAACATGTCACAAATAGATATGAGCGAGAAAGCAAGCAGTGA  
 A V S R L G N M S Q I D M S E K A S S D  
 301 CCTGGATGTGTCTTCTGAAGTGGATGTTGGTGGATACATGAGCGATGGTGATATCCTTGG  
 L D V S S E V D V G G Y M S D G D I L G  
 361 GAAGAGTCTGAGAGCGGATGATATCAACAGTGGGTACATGACAGATGGTGGGCTCAACCT  
 K S L R A D D I N S G Y M T D G G L N L  
 421 ATATACCAGAAGTCTTAACCGAGTCCCGGACACAGCAACTTCCAGAGATGTCATACAGAG  
 Y T R S L N R V P D T A T S R D V I Q R  
 481 AGGCGTTCACGATGTGACAGTGGACGACAGAGCTGGGATGACAGCAGTTCTGTGAGCAG  
 G V H D V T V D A D S W D D S S S V S S  
 541 TGGCCTCAGTGACACACTTGATAACATTAGCACAGATGACCTCAACACCACGTCCTCCAT  
 G L S D T L D N I S T D D L N T T S S I  
 601 CAGTTCTTACTCCAACATCACTGTCCCCTCCAGGAAGAACAACCTCAGCTGAAAACAGATGC  
 S S Y S N I T V P S R K N T Q L K T D A  
 661 GGAGAAACGTTTCGACAACAGATGAGACCTGGGATAGTCTCTGAGGAGCTGAAGAAAGCCGA  
 E K R S T T D E T W D S P E E L K K A E  
 721 GGGAGATTGTGACAGCCATGGTGACGGAGCCGCCAAGTGAAGGGTGCTACTTCTGGACT  
 G D C D S H G D G A A K W K G A T S G L  
 781 TGCTGAAGACTCGGAGAAGACAGGGCAGAAAGCCAGCCTGTCTGTGTCTCAGACAGGCTC  
 A E D S E K T G Q K A S L S V S Q T G S  
 841 CTGGAGGAGAGGCATGTCTGCCCAGGGAGGAACTCCAGCTACAGCTAGGCAGAAAACCAG  
 W R R G M S A Q G G T P A T A R Q K T S  
 901 CACAAGTGCACCTCAAGACCCCTGGGAAGACAGATGATGCCAAGCTTCCGAGAAAGGGAA  
 T S A L K T P G K T D D A K A S E K G K  
 961 AACTCCTCTCAAAGGATCATCCTTGCAAAGGTCTCCTTCAGATGCAGGGAAAAGCAGCGG  
 T P L K G S S L Q R S P S D A G K S S G  
 1021 GGATGAAGGGAAAAAGCCACCGTCAGGCATTGGAAGATCGACAGCCAGCAGTTCTTTTGG  
 D E G K K P P S G I G R S T A S S S F G  
 1081 ATACAAGAAGCCAAGTGGTGTAGGGGCTTCCACTATGATTACCAGCAGCGGTGCCACCAT  
 Y K K P S G V G A S T M I T S S G A T I  
 1141 CACAAGCGGTTTCAGCTACACTGGGGAAATCCCCAATCCGCTGCCATTGGTGGGAAGTC  
 T S G S A T L G K I P K S A A I G G K S  
 1201 CAATGCAGGAAGGAAAACCAGCCTGGACGGGTCCAGAAATCAAGATGATGTTGTCCTGCA  
 N A G R K T S L D G S Q N Q D D V V L H  
 1261 CGTGAGCTCGAAGACCACCTCCAGTACCGTAGTTGCCCCGCCCTTCTAAGTCCAGCAC  
 V S S K T T L Q Y R S L P R P S K S S T  
 1321 CAGCGGAATCCCTGGGAGAGGTGGCCACAGGTCGAGCACCAGCAGCATTGATTCCAATGT  
 S G I P G R G G H R S S T S S I D S N V

Fig. 9



67/77

1381 CAGCAGCAAGTCAGCTGGGGCCACCACCTCCAAACTGAGAGAACCGACTAAGATCGGCTC  
S S K S A G A T T S K L R E P T K I G S

1441 AGGGCGCTCGAGTCCAGTCACTGTCAACCAAACAGACAAAGAGAAGGAGAAAGTAGCAGT  
G R S S P V T V N Q T D K E K E K V A V

1501 GTCAGATTGAGAGAGCGTTTCCTTGTCAGGTTCCCCCAAATCCAGCCCCACCTCTGCCAG  
S D S E S V S L S G S P K S S P T S A S

1561 TGCCTGTGGGACTCAAGGGCTCAGACAGCCAGGGTCCAAATATCCAGATATTGCCTCGCC  
A C G T Q G L R Q P G S K Y P D I A S P

1621 CACATTTTGAAGGTTGTTTCGGTGCCAAGGCAGGCGGCAAATCTGCCTCCGCACCTAATAC  
T F R R L F G A K A G G K S A S A P N T

1681 TGAGGGGGCGAAGTCCCTCCTCAGTAGTGCTCAGCCCTAGTACCTCTTTAGCCCGACAAGG  
E G A K S S S V V L S P S T S L A R Q G

1741 CAGTCTGGAGTCACCGTCGTCGGGTACGGGAAGCATGGGCAGTGCTGGTGGGCTGAGTGG  
S L E S P S S G T G S M G S A G G L S G

1801 CAGCAGCAGCCCTCTCTTCAATAAACCCCTCAGACCTAACTACAGATGTTATAAGCTTAAG  
S S S P L F N K P S D L T T D V I S L S

1861 TCACTCCTTGGCTTCCAGCCCAGCGTCGGTTCCTTTCACATCCGGTGGGCTTGTGTG  
H S L A S S P A S V H S F T S G G L V W

1921 GGCTGCCAATCTGAGCAGTTCCTCTGCCGGCAGCAAGGACACTCCAAGTTACCAGTCCAT  
A A N L S S S S A G S K D T P S Y Q S M

1981 GACTAGTCTCCATACGAGCTCTGAGTCCATTGACCTGCCCTCAGCCATCATGGCTCCCT  
T S L H T S S E S I D L P L S H H G S L

2041 GTCTGGACTGACCACAGGCACTCAGGAGGTGCAGAGCCTGCTCATGAGAACGGGTAGTGT  
S G L T T G T H E V Q S L L M R T G S V

2101 GAGATCTACTCTCTCAGAAAGATACACCCCATCATCTCGGCAGGCCAACCAAGAAGAAGG  
R S T L S E R Y T P S S R Q A N Q E E G

2161 CAAAGAGTGGCTGCGATCGCATTCCTACTGGCGGGCTGCAGGATACTGGCAACCAGTCTCC  
K E W L R S H S T G G L Q D T G N Q S P

2221 CTTGGTCTCCCTTCTGCCATGTCTCATCGTCAGCCACCGGAAAATATCACTTTTCCAACCT  
L V S P S A M S S S A T G K Y H F S N L

2281 GGTGAGTCCCACCAACCTCTCCCAGTTTAACCTGCCTGCACCCAGTATGATGCGCTCCAG  
V S P T N L S Q F N L P A P S M M R S S

2341 CAGTATCCCCGCCCAGGACTCCTCCTTCGACCTCTATGATGATGCCAGCTTTGCGGTAG  
S I P A Q D S S F D L Y D D A Q L C G S

2401 TGCAACTTCCCTGGAGGAAAGGCCACGGGCGGTTAGCCACTCCGGCTCATTCAGAGACAG  
A T S L E E R P R A V S H S G S F R D S

2461 CATGGAGGAAGTTCATGGCTCTTCACTGTCTATTGGTCTCCAGCACATCATCCCTTTACTC  
M E E V H G S S L S L V S S T S S L Y S

2521 TACGGCTGAAGAGAAGGCTCATTGAGGCAATCCATAAGCTACGGAGAGAACTGGTTGC  
T A E E K A H S E Q I H K L R R E L V A

2581 CTCCCAGGAGAAAGTCGCTACCCCTCACGTCTCAGCTGTGAGCAAAATGCTCACCTTGTAGC  
S Q E K V A T L T S Q L S A N A H L V A

2641 AGCTTTTGAAGAGTTTAGGGAATATGACTGGCCGTTTGCAAAGTCTAACCATGACAGC  
A F E K S L G N M T G R L Q S L T M T A

2701 GGAACAAAAGGAATCTGAGCTTATCGAACTGCGGGAAACCATTGAAATGTTGAAGGCCCA  
E Q K E S E L I E L R E T I E M L K A Q

Fig. 9 (Forts. 1)

68/77

2761 GAACTCTGCTGCCCAAGCAGCCATTTCAGGGAGCACTGAATGGCCCAGACCACCCCTCCCAA  
N S A A Q A A I Q G A L N G P D H P P K

2821 AGATCTCCGCATCAGAAGACAGCACTCCTCTGAAAGTGTTTCTAGTATCAACAGCGCAAC  
D L R I R R Q H S S E S V S S I N S A T

2881 GAGCCATTCCAGCATTGGCAGTGGTAATGATGCTGACTCCAAGAAA  
S H S S I G S G N D A D S K K

Fig. 9 (Forts. 2)

## Maus genomische Sequenz

1 GGGATGAAGG GAAAAAGCCA CCGTCAGGCA TTGGAAGATC GACAGCCAGC  
 51 AGTTCTTTTG GATACAAGAA GCCAAGTGGT GTAGGGGCTT CCACTATGAT  
 101 TACCAGCAGC GGTGCCACCA TCACAAGCGG TTCAGCTACA CTGGGGAAAA  
 151 TCCCCAAATC CGCTGCCATT GGTGGGAAGT CCAATGCAGG AAGGAAAACC  
 201 AGCCTGGACG GGTCCCAGAA TCAAGATGAT GTTGTCTGTC ACGTGAGCTC  
 251 GAAGACCACC CTCCAGTACC GTAGTTTGCC CCGCCCTTCT AAGTCCAGCA  
 301 CCAGCGGAAT CCCTGGGAGA GGTGGCCACA GGTCGAGCAC CAGCAGCATT  
 351 GATTCCAATG TCAGCAGCAA GTCAGCTGGG GCCACCACCT CCAAAC TGAG  
 401 AGAACCGACT AAGATCGGCT CAGGGCGCTC GAGTCCAGTC ACTGTCAACC  
 451 AAACAGACAA AGAGAAGGAG AAAGTAGCAG TGTCAGATTC AGAGAGCGTT  
 501 TCCTTGTCAG GTTCCCCCAA ATCCAGCCCC ACCTCTGCCA GTGCCTGTGG  
 551 GACTCAAGGG CTCAGACAGC CAGGGTCCAA ATATCCAGAT ATTGCCTCGC  
 601 CCACATTTTCG AAGGTAAGGG TATGTAAAGA GATGTTGGGA AAACATAAAA  
 651 GG TAGTATAT AGCATGTATT TATTCTGTAC GAACTATTT TCATGTATTC  
 701 TAAATATTCT AAGATTCTGT ATCTTATACT TGTCTAAAAT ATAGTGATTT  
 751 TATTTTGCTG ATTGCACCTG TTGCTAGTGT AAAAGCATTG CTCATTTAGA  
 801 GAGTGGTTAG CCTTTCAGCT ATACAGCCAG TGTGACACTA AAATACAGAT  
 851 ACCACTTGTA GCGGGCATAA AACCACATGA CTGACTATTC ATAGAAATAA  
 901 AGTGATAGCT TGTAAAGATA TTTAGTGATT TCCACCTCTC CTTTCCAGAA  
 951 TTAAAAAAG CAAATTGCAT AGATCTTTAT AAACACATTT ACTTCTAGTG  
 1001 TATGTTATCT TGTTGACTCT TAATGAAATG GCAGTTATGA ATATAGATGA  
 1051 TATATTCTTT CTAACAGTTT ATAAGAGACC AATTTATACA GTACCAGATC  
 1101 TTAACATAGT AACAATAACA GCAACAAAAA CAACCCAAAA AGCTATCAAA  
 1151 GTATGGTCTG ATTGCAGAAT TTGAAAACAT TTACATGTTT GACATAGGAC  
 1201 AAGAACTCAG GAGTGAGGTG ACTTTTTATA AGTCTTCATC AATGTCCTTT  
 1251 TACAGGAACC AGGAAGCATA TCTGATATAT GTGTCAGGAT TATCACTTTA  
 1301 TTAATTATGT GAAATCTGT TTAGAAATCT ACCTGATTTT AAATACTTTA  
 1351 ATATAGTAGG GGTCAAAATT AGTTAATGAG TTAAGACAAG TTGTTAAATA  
 1401 ATCCTGGCTC TGTTTCTCA TCTTCAAAAT GATAGAGTAT AATTTATCAC  
 1451 CTCTTGTTAA ATATTCAGG TTTGTGTTA TTCTCTTGAT AACTTTGATC  
 1501 TCTTAGAAGA GTCTGAAGA ATTTACATTA AGTAATCTTA GAAACATAAC  
 1551 TATTTGAGAA ACAGTAGTCA AATTTTGTC TTAGAAGTAT TAACTCTGAA  
 1601 GAATGATTTG AAGTGACAGT TCTTAGAAAG AATAAATTAT AGCTTGTAGC  
 1651 AAGAGTAAAT ATTTTCACTG CTTGTGTGAG AGCCAAGAGC GCCCTCTTGT  
 1701 GGCCCATAC CTATGAAACA ATTTCTCATA TTCGCCCTAG AAATCTTCCA

Fig. 10

70/77

1751 CTGCAGGAAA TAATGGATTT CATTGCCTCT GAATTAGTAA CCATTCTGCC  
1801 ATTTCTTCAT ACCATTTTAT TTCCATACTT GCATAAATTT GATTATGTCA  
1851 TCTGCTTCAT TTACAAAAC AAAATGTTTT CTGAGCTAAA CTCCAGTAGC  
1901 TAACTTAGTA CAAATGGTAT TTTTAAATCA CTGCTATAAG TATATATATT  
1951 TGAATAGCTC TGGCAACGGA CGGAAATCCC TATGGTCTTT CCATGGGAAG  
2001 ATACAAACCA ATCCATAAGT TGTCCAGCAA TATCCAATAT TTCCAGCCCA  
2051 GCEAGTCAGG CCTCTTAAAC ATTACCTTAC ATATTTGAAC CTTTCCTTAA  
2101 ATGTCCCCTT TAGACAATCT ATTTTTTAAA AAGATGAAAA TCCATTTAAG  
2151 CATCATATAT CGAATGCGTA GAAGTTGTTT CATTATAATG GTTCTGCAGA  
2201 TAGGTAATGC CAAAACGGCC AAAATATTTG ATCACTAGAA GCGTAAAAGT  
2251 CAAGTACAAT CATGTTGACT TTTTTTCCAA GGTGGGTTCA CTGCTGCCCCA  
2301 CCTTGGTTCC AGGCCAGTGC TTACTTAAGA TATCGTAAGT GATTTTTTTTT  
2351 TAATTTTTTAA TTTTTTAGTA GTTGGTTAAT CAAAAGCCAG TCATGTCACC  
2401 TTCAGGAACA TAGAGGCTGG ACGTGCTTGG CAGCTCACGA CTCCAAAGCA  
2451 CACTTGGCTC TGTGGACTGA AACCCTAGGA AACGTGGATG TGAGTCTCTT  
2501 GGAACAACCTC AAGTTGTTAT TTGTTTTTCT TTTAGGTTGT TCGGTGCCAA  
2551 GGCAGGCGGC AAATCTGCCT CCGCACCTAA TAC

Fig. 10 (Forts.)

71/77

T2HC

Homologe humane cDNA

1 GGATCAGCTTCGGGAGACCATGCACAACATGCAGTTGGAGGTGGACCTGCTGAAAGCAGA  
D Q L R E T M H N M Q L E V D L L K A E

61 GAATGACCGACTGAAGGTAGCCCCAGGCCCTCATCAGGCTCCACTCCAGGGCAGGTCCC  
N D R L K V A P G P S S G S T P G Q V P

121 TGGATCATCTGCATTATCTTCCCCACGCCGCTCCCTAGGCCTGGCACTCACCCATTCCTT  
G S S A L S S P R R S L G L A L T H S F

181 CGGCCCCAGTCTTGCAGACACAGACCTGTCACCCATGGATGGCATCAGTACTTGTGGTCC  
G P S L A D T D L S P M D G I S T C G P

241 AAAGGAGGAAGTGACCCTCCGGGTGGTGGTGAGGATGCCCCCGCAGCACATCATCAAAGG  
K E E V T L R V V V R M P P Q H I I K G

361 GGACTTGAAGCAGCAGGAATTCTTCTGGGCTGTAGCAAGGTCACTGGAAAAGTTGACTG  
D L K Q Q E F F L G C S K V S G K V D W

421 GAAGATGCTGGATGAAGCTGTTTTCCAAGTGTTCAGGACTATATTTCTAAAATGGACCC  
K M L D E A V F Q V F K D Y I S K M D P

481 AGCCTCTACCTGGGACTAAGCACTGAGTCCATCCATGGCTACAGCATCAGCCACGTGAA  
A S T L G L S T E S I H G Y S I S H V K

541 ACGAGTGTGGATGCAGAGCCCCCGAGATGCCTCCTTGCCGTCGAGGTGTCAATAACAT  
R V L D A E P P E M P P C R R G V N N I

601 ATCAGTCTCCCTCAAAGGTCTGAAGGAGAAATGCGTCGACAGCCTGGTGTTCGAGACGCT  
S V S L K G L K E K C V D S L V F E T L

661 GATCCCCAAGCCGATGATGCAGCACTACATAAGCCTCCTGCTGAAGCACCGGCGCCTCGT  
I P K P M M Q H Y I S L L L K H R R L V

721 CCTCTCGGGCCCCAGCGGCACGGGCAAGACCTACCTGACCAATCGCTTGGCCGAGTACCT  
L S G P S G T G K T Y L T N R L A E Y L

841 GGTGGAGCGCTCTGGCCGTGAGGTACAGAGGGCATCGTCAGCACCTTCAACATGCACCA  
V E R S G R E V T E G I V S T F N M H Q

901 GCAGTCTTGCAAGGATCTGCAACTGTATCTTTCCAACCTAGCCAACCAGATAGACCGGGA  
Q S C K D L Q L Y L S N L A N Q I D R E

961 AACAGGAATTGGGGATGTGCCCTGGTGATTCTATTGGATGACCTGAGTGAAGCAGGCTC  
T G I G D V P L V I L L D D L S E A G S

1021 CATCAGTGAGTTGGTCAATGGGGCCCTCACCTGCAAGTATCATAAATGTCCCTATATTAT  
I S E L V N G A L T C K Y H K C P Y I I

1081 AGGTACCACCAATCAGCCTGTAAAAATGACACCCAACCATGGCTTGCACTTGAGCTTCAG  
G T T N Q P V K M T P N H G L H L S F R

1141 GATGTTGACCTTCTCCAACAACGTGGAGCCAGCCAATGGCTTCTGGTTTCGTTACCTGAG  
M L T F S N N V E P A N G F L V R Y L R

1201 GAGGAAGCTGGTAGAGTCAGACAGCGACATCAATGCCAACAAGGAAGAGCTGCTTCGGGT  
R K L V E S D S D I N A N K E E L L R V

1261 GCTCGACTGGGTACCCAAGCTGTGGTATCATCTCCACACCTTCTTGAGAAGCACAGCAC  
L D W V P K L W Y H L H T F L E K H S T

Fig. 11

72/77

1201 CTCAGACTTCCTCATCGGCCCTTGCTTCTTTCTGTCGTGTCCCATTGGCATTGAGGACTT  
S D F L I G P C F F L S C P I G I E D F

1261 CCGGACCTGGTTTCATTGACCTGTGGAACAACCTCTATCATTCCCTATCTACAGGAAGGAGC  
R T W F I D L W N N S I I P Y L Q E G A

1321 CAAGGATGGGATAAAGGTCCATGGACAGAAAGCTGCTTGGGAGGACCCAGTGGAATGGGT  
K D G I K V H G Q K A A W E D P V E W V

1381 CCGGGACACACTTCCCTGGCCATCAGCCCAACAAGACCAATCAAAGCTGTACCACCTGCC  
R D T L P W P S A Q Q D Q S K L Y H L P

1441 CCCACCCACCGTGGGCCCTCACAGCATTGCCTCACCTCCCGAGGATAGGACAGTCAAAGA  
P P T V G P H S I A S P P E D R T V K D

1501 CAGCACCCCAAGTTCTCTGGACTCAGATCCTCTGATGGCCATGCTGCTGAACTTCAAGA  
S T P S S L D S D P L M A M L L K L Q E

1561 AGCTGCCAACTACATTGAGTCTCCAGATCGAGAAACCATCCTGGACCCCAACCTTCAGGC  
A A N Y I E S P D R E T I L D P N L Q A

1621 AACACTTTAAGGGTTCGGCAATCACTGTCACCCCGGACAGCAGAACGCTGGCATCAGCT  
T L \*

1681 ATCTTAGCTCCTCCTCTCCCCTCTCCTCTTTTCAGAGCACTGGCTCTCCAGCCCCAGGAGG

1741 AGAACAGGAGGGAGGAGGAGATGAAAGAGGAGGGACAGGTTCTTGCTGTACCTTTGA

1801 GAACTTCCTAGGAAGGAATGGTGGGGTGGCGTTTGGGAACTTGTCGCCCTTAAACACATT

1861 TACTGGCCTCCTCTAATGACTTTGGGGAAAAGATGATTCTGGGTCTTCCCTTGACTTCT

1921 TGTTTCAATTACAAACTCCTGGGCTTTCTGGGGAGGGGTTCAGAAAACATCAAAACACTG

1981 CAGCAGTTCCTAAATGATTCTCACAAGCAACCCTGAGAGAGACAGTCTTGAGAGGGAGAT

2041 CTGGGGGAGGCAGGAAGCTCCTCAGATTTTCTCACAGACCCTTCCCAATTCCATCACCAC

2101 TGCCAACAACCTCCTCCCCCAGAGATCTGGCTGGAGCCCAGAAAAAGAAGCATGTGGTTTA

2161 AAAAATGTTTAAATCAATCTGTAAAAGGTAAAAATGAAAAACAAAAACAAGCAAACAAAC

2221 AAAAAACAATGAAAAAGATGAAGCTGGAGAGAGAGGAACCAGTTGCCAAGGTAGAGAGCT

2281 GCCCGCTCCTGCCCTCTGGATGACATAGGGGACATCAACAAGACGGCTGCCAACCTGAGA

2341 AGTCACCAAACCACAAAAATAACCTTACAGCCTTCAGGGAAAGACTACCAGCTCTGTCTT

2401 TCTACCCTCTAATTTAACAATGCATAAGAGTCAATAAACCCCTACTTTTTTAAAAA

Fig. 11 (Forts.)

73/77

Homologe Maus cDNA-Sequenz

```

1  [ GAACTATGGGAAAAAGAGATGAAGCTCACGGATATCCGGTTGGAGGCCCTCAACTCTGCC
   E L W E K E M K L T D I R L E A L N S A ]
61  CACCAGCTGGACCAGCTTCGGGAGACCATGCACAATATGCAGTTGGAGGTGGACCTGCCTG
   H Q L D Q L R E T M H N M Q L E V D L L
121 AAAGCAGAGAATGACCGGCTGAAGGTTGCCCGGCCCTCCTCAGGCTGCACTCCAGGG
   K A E N D R L K V A P G P S S G C T P G
181 CAGGTCCCTGGGTCATCGGCTCTGTCTGTCCTCGACGTTCCCTGGGCCTTGCACTCAGC
   Q V P G S S A L S S P R R S L G L A L S
241 CATCCTTTCAGTCTCTAGTCTCACAGACACAGACCTCTCACCCATGGATGGCATCAGCACC
   H P F S P S L T D T D L S P M D G I S T
301 TGTGGTTCAAAGGAAGAGGTGACCCCTGCGGGTGGTGGTCCGGATGCCGCCCCAGCACATC
   C G S K E E V T L R V V V R M P P Q H I
61  ATCAAAGGGGACTTAAAGCAGCAGGAGTTCTTCTGCGGTGCAGCAAGGTCAGTGGCAAA
   I K G D L K Q Q E F F L G C S K V S G K
421 GTTGACTGGAAGATGCTGGATGAAGCCGTTTCCAAGTGTTCAGGACTACATTTCTAA
   V D W K M L D E A V F Q V F K D Y I S K
481 ATGGACCCAGCCTCAACCCTGGGACTGAGCACTGAGTCCATACATGGCTATAGCCTCAGC
   M D P A S T L G L S T E S I H G Y S L S
541 CACGTGAAACGAGTGTCTGGATGCTGAGCCCCAGAGATGCCTCCTTGCCGCGGAGGTGTC
   H V K R V L D A E P P E M P P C R R G V
601 AATAACATATCAGTCGCTCTCAAAGGTCTGAAAGAGAAGTGTGTCGACAGCCTGGTGTTC
   N N I S V A L K G L K E K C V D S L V F
661 GAGACGCTTATCCCCAAGCCCATGATGCAGCACTACATCAGCCTCCTGCTCAAGCACC GG
   E T L I P K P M M Q H Y I S L L L K H R
721 CGCCTGGTGTCTCCGCGCCCAAGTGGCACC GGCAAGACCTACTTGACCAATCGGCTAGCC
   R L V L S G P S G T G K T Y L T N R L A
781 GAGTACCTGGTGGAGCGCTCCGCGCCGAGGTACAGGATGGCATCGTCAGCACTTTCAAC
   E Y L V E R S G R E V T D G I V S T F N
841 ATGCACCAGCAGTCTTGCAAGGATCTGCAACTGTACCTCTCCAACCTAGCCAACCAGATA
   M H Q Q S C K D L Q L Y L S N L A N Q I
901 GACCGGGAACAGGGATAGGGGATGTGCCCTTGGTGATCCTCCTGGATGATCTGAGTGAA
   D R E T G I G D V P L V I L L D D L S E
961 GCAGGCTCCATCAGTGAGCTGGTCAATGGGGCCCTCACCTGCAAGTATCACAAATGTCCC
   A G S I S E L V N G A L T C K Y H K C P
1021 TACATTATAGGTACCACCAATCAGCCTGTAAAAATGACACCCAACCATGGCTTGCACTTG
   Y I I G T T N Q P V K M T P N H G L H L
1081 AGCTTCAGGATGCTGACCTTCTCGAACAATGTGGAACCAGCCAATGGCTTTCTGGTCCGT
   S F R M L T F S N N V E P A N G F L V R
1141 TACCTGCGGAGGAAGTTGGTAGAGTCAGACAGTGACGTCAATGCTAACAAGGAAGAGCTG
   Y L R R K L V E S D S D V N A N K E E L
1201 CTTCGGGTGCTGGACTGGGTGCCCAAGCTGTGGTATCACCTCCACACCTTCTGGAGAAG
   L R V L D W V P K L W Y H L H T F L E K
1261 CACAGCACCTCGGACTTCTCATTTGGCCCTTGCTTCTTCTGTCCTGTCCCATTTGGCATC
   H S T S D F L I G P C F F L S C P I G I
1321 GAGGACTTCCGGACCTGGTTCAATTGACCTGTGGAACAATTCCATCATCCCCTATCTACAG
   E D F R T W F I D L W N N S I I P Y L Q

```

Fig. 12

1381 GAAGGAGCCAAGGATGGGATCAAGGTTTCATGGACAGAAAGCTGCTTGGGAAGACCCGGTG  
E G A K D G I K V H G Q K A A W E D P V

1441 GAATGGGTCCGAGACACTCTTCCCTGGCCGTCGGCCCAACAAGACCAATCAAAGCTCTAC  
E W V R D T L P W P S A Q Q D Q S K L Y

1501 CACCTGCCCCCGCTTCTGTGGGCCCCACAGCACTGCCTCACCCCGGAGGACAGGACA  
H L P P P S V G P H S T A S P P E D R T

1561 GTCAAAGACAGCACTCCAAACTCCCTCGACTCAGATCCCCTGATGGCCATGCTACTGAAA  
V K D S T P N S L D S D P L M A M L L K

1621 CTCCAAGAAGCTGCCAACTACATTGAGTCACCAGATCGAGAGACTATCCTGGACCCCAAC  
L Q E A A N Y I E S P D R E T I L D P N

1681 CTCCAGGCGACACTCTGAGGGCCCGCAGTCACTGTCACCCTGGAGGGCAGAAGGCTGGC  
L Q A T L \*

1741 TTCAGCATCATTAGCTCTCCTCTGCCCTCTTCCTTCATAGCTCTGGCTCACCAGCCTCGC

1801 CAAGAGAACAGGAGGGAAGAAGAGGGCAGGAGGAGGGATGGGTTCTCGGTGCTGAACCTT

1861 TGAGAACTTCTACTAGGAATTGGAGGGGGTGGAGTTTGAGAACTCCGTGCCCCCTTAAC

1921 ACATTTGCTGGCCTCCTCTTACGACTTAGGAGAAAAGATGATTCTGGTCTTTTCTTCAAG

1981 TTTTGTTTCACCTACAAACTCTTGGGCTTTCTGGGGAGGGATTCGGAAGATATAAACAGA

2041 CAAACAAAAACAAACAAACCAACTACAGCAGTTCCAAGCTCGTTCTCACAAACACCTCTG

2101 AGACAGTCACATGTGGGCAAATCTAAGGGAGGCAGGAAGCTCTACAGACTTTCTTGCAAA

2161 CCCTTCCCAGTTCTGTGCGACACTGCCAACAACTCCCCGCCAGAGACCTGGCCAGAGCCA

2221 AGAAAAGAGAAGCATGTGGTTTAAACAGAAAAACAAAACAAAACAAAAAATATATG

2281 TGTAATCAACCTGTAGAAGGTAAAAACGGCAATGGAAAAGATGAAGCTGGAAGGAGGGG

2341 CCCAGTTGCCAAGATGGAACGAGAGCTGCCAGATCTTGCCTTCTGGATGACAAGAGGGGA

2401 CATTGCAAGATGGCTGCCAGTCTAAAACGTCACCAGACCACAAGAGTAACATCACAGCCT

2461 TCGAAGAAAGGCCACAAGCTGTCTTTCTGCCCTCTAACTGAACATGCATGAAAAGTCAAT

2521 AAACCCTACTTTTTTAATTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Fig. 12 (Forts.)



1 CCAATAGAACTCCGGATCAAGAGGCAGAATTTCCTCAGATAGCATCTCCAGCCTCAACAGG  
P I E L R I K R Q N S S D S I S S L N S

61 ATCACCAGCCATTCCAGCATCGGCAGCAGCAAAGATGCTGTATGCCAAGAAGAAAAAGAAG  
I T S H S S I G S S K D A D A K K K K K

121 AAGAGTTGGGTATGTAAAGGCTTGGGGATCGGCCTGTGCTAGGAGTCACTCACCTGTTC  
K S W V C K G L G I G L C \*

181 CAGGGAAGTACCCCTTTTCAGGATCAACAAAGAGGGTCCCTTCTAACAGGATGCCAGTGT

241 TGTGACATCTGCTGGGGACAAAAATTCATAAGTTCCCATTCCTCTATCCATTGTCTATT

301 CTCTTTACCAACCGCCCTGCACATATACCCCAGCCCCCACCGTCCCTGCATCCTTTATAC

361 ATGCTCTGCTATCCTGGGGCTCTACCTACTGATGAGGTCAAATGTATTTGGCCGTAGAAGG

421 AGCTGAGAAAAATTATTCATGGGTGGGAGAGTGGGGCATGTGGAGAGAAATTTGTAAGCCAA

481 GCAGGGTACTCTAGACGCTCCTGGGGCTGTTGCTTTAGTTTGGGTGAGGAGGCTGTGGAA

541 CGTCCCCATCGCTCCAAAGCCTGCTTTTGTCTGGTCCAGAGGTGGGTTTGTTCTGTGTGG

601 TATCCCCCTGTAACTCTAAACTGGCTTTGGGTGAGCTTTCTACAATCTGTACGCAGGTG

661 TAGGGCACTGCCTGACTGACTGAAAGGGAGAGTGACCCAGAGTGAGCGTCTTGTCCCTGT

721 CCCTGCTGAGGAGGGCTGGCTACAGACTTTGGCCTAGTGCAGACAGGAGCCAGCTGTGTG

781 GAGAAGCAGCTGTGTGAAATGCATGAGTAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTTTCTT

841 TTCATTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTTTCCCTTTTATTTCCCTTCAAATGCTGACCTCAAATC

901 CCTATTTTTTTTCCAGGTTTATGAGGTAAGAACTCGGTTCCCTCTCCTCGTGCTTTTTTCT

961 TTCCCTTTGCACACCTTCGTGTTTCCAGAGCAAGCACCTCTCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAA

1021 AAAAA

Fig. 13

## Spleißvariante 1 (JFC410)

1 AGCGAGTTACTCACGCTTCCCCTCCATCGGAAGCCAGCCAGGCCAAAACCCAGCAAGATA  
R V T H A S P P S E A S Q A K T Q Q D M  
61 TGCAGTCCAGTCTGGCAGCCAGATATGCAACTCAGTCTAATCACAGTGGGAATTGCAACCA  
Q S S L A A R Y A T O S N H S G I A T S  
121 GTCAAAAAAGCCTACTAGGCTTCCAGGGCCCTCTAGGGTGCCTGCTGCAGGAAGCAGCA  
O K K P T R L P G P S R V P A A G S S S  
181 GCAACCTCCACCCACCCCTCTAATTTAAATAGGAGAAGTCAGAGCTTTACAGCATTGACA  
K V Q G A S N L N R R S Q S F N S I D R  
241 AA

bp 1 entspricht bp 914 von THC

unterstrichene Sequenz repräsentiert weitere Spleißform und ist nicht in  
THC-Sequenz gezeigt

Fig. 14

2000-99

106

77/77

Spleißvariante 2

```
1  G G C A C T C A C G A G G T C C A G A G C C T G C T C A T G A G A A C G G T A G T G T G A G A T C T A C T C T C A
   G T H E V Q S L L M R T G S V R S T L S
61  G A A A G A T A T A C C C C A T C A T C T C G G C A G G C C A A C C A A G A A G A G G G C A A G A G T G G T T G C G T
   E R Y T P S S R Q A N Q E E G K E W L R
121 T C T C A T T C T A C T G G A G G G C T T C A G G A C A C T G G C A A C C A G
    S H S T G G L Q D T G N Q
```

bp 1 entspricht bp 3300 von THC

unterstrichene Basenpaare -> Position des differentiell gespleißten Exons,  
das hier fehlt, aber in THC-Sequenz gezeigt ist.

Fig. 15

